SNP-primers (OLA) and the corresponding sequence

ALLEL specified OLIGO-1:

5'ABI_colour-PRIMER-N-3'

ALLEL specified OLIGO-2:

5'ABI colour-n(A)-PRIMER-N-3'

JOINING-OLIGO:

5'-P-PRIMER-3'

tamra=red, fam=blue, tet=green, hex=yellow (ladder)

SAL146A

SAL146a2-A tet-TAAACACAAACAACTTCTGGCA

SAL146a2-T tet-AAAAAATAAACACAAACAACTTCTGGCT SAL146a2 P-AAATTGGAAAAAACAAAAAATGG

SAL96A

SAL96a2-A SAL96a2-T tet-ATTTTTGACAATTTCAATTGAAAA

tet-AAAAAATTTTTGACAATTTCAATTGAAAT

SAL96a2

P-CAATCACATTAATGTACTTCATTA

SAL78A

SAL78a-C

fam-ACAATGAATCCAATCCCAC

SAL78a-T

fam-AAAAAACAATGAATCCAATCCCAT

SAL78a

P-GATGGTAGAGACTGCCCAT

SAL87A

CAGGAAGAGAGTTGAAGATAGTTATTAGGAAGTGCAGTCATTCTCTTTGGTTCCTTGGT CCTTGACACACACATTGTGCATTGGTTCCCTATAACATACGGAGACACAGACCCAGAAA TGGCTTCTCATCTCCC/ACTCTCCATCCTCCTACTCATCTTCAGACTCTCAGGTAAGGG TAACATGTTTCTATGAAGTGCTGAAGTTGAGGTCAGGGACTGGGACAAATGTTGGAAC TCTGAAGACAGAAGCAGCAGCAGTTTGTCTTATCAATAACACTTCCTGTATTATG

SAL87a-C

tamra-AAATGGCTTCTCATCTCTCC

SAL87a-A

tamra-AAAAAAAATGGCTTCTCATCTCA

SAL87a

P-CTCTCCATCCTCCTACTCATC

SAL46A

CCACTCGTTTCCTCCCGTATCCAAACCACATGGTCGGCGTTCCGAAGGTCCAACTAGG AGAACATGACCGCCCCCTGGAGAGGCTCGGAAGCCGAGGAGATGA<u>T/G</u>ATGTAGCAGG TAATATTTTTTTAACAGTAATGTCATTAAAACCCAGGTAGTTGATACATGGATGCAGGG TCTTGTCCTTCTCCACAAAGAAGAACCCTGCGCTGGCGGGGGA

SAL46a-T	tet-GGAAGCCGAGGAGATGAT
SAL46a-G	tet-AAAAAAGGAAGCCGAGGAGATGAG
SAL46a	P-ATGTAGCAGGTAATATTTTTTAA

SAL15A

SAL15a2-A	tamra-ACACTCAAACAGACAGAGGTGACA
SAL15a2-G	tamra-AAAAACACTCAAACAGACAGAGGTGACG
SAL15a2	P-TAATGAGAGGACGGAAGGAAG

SAL147a

CCAACACAAAGAAATACACAACCTAGAAAATCATAGAGATACAAAACCAGAACAATGC CCAAAAACCC<u>C/T</u>GGAACACATAAAACAACACCCCTCTTACATAAGAACATATCCCAA CAAACCCCAAACCACATAAAACAACACCCCCTGCCACGTCCTGACCAAACTACAATAA CAAATAACCCCTTTACTGGTCAGGACGTGACAGCTAAAC

SAL147a-2 C	tet-GAACAATGCCCAAAAACCCC
SAL147a-2 T	tet-AAAAAGAACAATGCCCAAAAACCCT
SAL147a-2	P-GGAACACATAAAACAAACACCCC

SAL126B1

SAL126B1-G	fam-GATAATACTGTATATGTACATCTAG
SAL126B1-A	fam-AAAAGATAATACTGTATATGTACATCTAA
SAL126B1	P-CTGTTTTTCTATACATTATCA

SAL126B2

TTTTTTCTATACATTATCAAGACTGAACGGCAGCTTCAGGTAAAGTAAAGGGGGGAGG
TGTATGTATGTCTCTTTGTTAGCAACAGCTGGCACGCAATCTCTAATATTAAGGAAATC
TCAAGGTTTTGCTCACCTGAGCTAGAATACTCAATGATAAACTGCAGACAATACTATTT
ACCGAGAGAGTTTTCTTATATTGTTTTCCATAGCTCTCTATTTACCACCACAAACCGAT
GCTGGCGCTAAGACCACACTCAACGAGCTGTATAGAGCCATAAGC/AAAACAAGAAAAG
CCACATCCAGAGGCAGCGCTACTAGTGGGGAAACTGAAATCTGTCTTACCTCATTTTTA
CCAGAATGT

SAL126B2-C tet-CGAGCTGTATAGAGCCATAAGC
SAL126B2-A tet-AAAAACGAGCTGTATAGAGCCATAAGA
SAL126B2 P-AAACAAGAAAAGCCACATCC

SAL19B

AAGCATTTGTCCATTTATACATGTTTCATTCCAGACTAGAAGTGTGTGCAGAAAGGAGGCCATCTAGT GGTGAAAATGGCATCTACCAAAA<u>C/T</u>CACACGCGACCAAAATCTCTGTCCTGCTACTTAGTAGACATGA AGCTAGGGTTTGGGTTGTGTTTGAGGCTAGGTTCAACCCTAACCCTAGCCTCAACCAGAACCCTAACTC TTGCCTTA

SAL19B-C	tamra-TGAAAATGGCATCTACCAAAAC
SAL19B-T	tamra-AAAATGAAAATGGCATCTACCAAAAT
SAL19B	P-CACACGCGACCAAAATCTCT

SAL23B

SAL23B-C	fam-CAATATAGCCTGGTTAACGCC	
SAL23B-T	fam-AAAAAACAATATAGCCTGGTTAACGCT	
SAL23B	P-GCAGCGTTTAATCTGGTTTAAC	

SAL62B

TCCTCCGAGCCCATTGGACGGGAGCCTCGGCCTCTCCGTGCCGCCCCA<u>AG</u>AAATCCAACCCCCCCCCCCCCCCCCCGAGGCGCGCGTTGGTGTTTTTGTTAGGGCCGACACTTTACGCCGCCCAATAATAGTCACCGGCCGAATTCTAGCCTGCTATGACAAAC

SAL62B-A	tamra-CTCTCCGTGCCGCCCCA
SAL62B-G	tamra-AAAACTCTCCGTGCCGCCCCG
SAL62B	P-AAATCCAACCCCACCCCCC

SAL122B

SAL122B-G fam-GGATAAACACTCCAAACAG

SAL122B-T fam-AAAAAGGATAAACACTCCAAACAT

SAL122B P-CCTACCCGACTGCTTGGAG

SAL162B-1

GTGACATCGGCGGATTTGGTGGATTAAGAGGCATCCAATGCAAGCTGATATCTCTATCTTAA ATTGACAGATTTTTATTGGGATTTTTT<u>A/T</u>ATTATGCTAATTAGATTCCCGCGGGGCACGGAC ATTGACTCTAGGGGATTTAAACTGTGTAGTACTACGGCTCTATTCAATCTGTATCAATGAAG CATTAACATTGAAGTGTTGACACACCAGGGAATATTGCCCCTAATTAGTACAAGGAAGCTAT GTAGAAATACAGACGGTCTAAAGGGCCCTTCCC

SAL162B1-A fam-CAGATTTTTATTGGGATTTTTTA

SAL162B1-T fam-AAAAACAGATTTTTATTGGGATTTTTTT

SAL162B1 P-ATTATGCTAATTAGATTCCCGC

SAL162B2

SAL162B2-G tet-ATCATTTATCTGTGCTTTTACTCG

SAL162B2-A tet-AAAAATCATTTATCTGTGCTTTTACTCA

SAL162B2 P-TCCAGTTTGATGCCAATGCAG

SAL23M

SAL23M-G	tamra-TTAGTTGCTGTATCCATTTTTGGG		
SAL23M-A	tamra-AAAATTAGTTGCTGTATCCATTTTTGGA		
SAT 23M	P-CTTGAATGATAAAGACCCATTTTG		

SAT 93M

TTGAACACCAAAACAGAGTGTCAAGAGAATATGGAAACACATGGAAACCATATAAGAA CAGAC/GATTATTATTATATAATAATAACAAATATAATCTATAGTTAATATCTTTTGT AGAACACGTTACATTGAACTAATGAAATATTACACTGA

SAL93M-C	fam-ACATGGAAACCATATAAGAACAGAC	
SAL93M-G	fam-AAAACATGGAAACCATATAAGAACAGAG	
SAL93M	P-ATTATTATTATATTAATTATATAACAAATA	

SAL78i

AACTGGTGATGGAGCAAAGGAGAGAGAGAAGAAGAAGAAGAGTTTAAGGCAGGAAAAGG CACTTTTGGCATCATTGGGATTCAATCTGGAAATCCTGTTCCAACGATG<u>C/G</u>AACAGAC ATATGAAGATTCACTCTAAAGTTCCTCAGAGTAAAAATACACCACAGAAATACACCACA AGTGGAAAAGTCCACTTGGTGACATCACAGGCTCTA

SAL78i-C tet-GGAAATCCTGTTCCAACGATGC
SAL78i-G tet-AAAAAAGGAAATCCTGTTCCAACGATGG
SAL78i-ola P-AACAGACATATGAAGATTCACTCTA

SAL84i

AAAACTCCCTAGAAAGGACAAAAACCTAGGAAGAAACCTAGAGAGGAACCAGGCTATGAGGGGTGGCCAGTCCTCTTCTGGCTGTGCAGGGTGGATATTATAACAGAACA<u>C/T</u>GGTCAAGATGTTAAAATGTTCATAAATGACCAGCATGGTCAAATAATAATAATCATAGTAGTTGTCGAGGGTGCAACAAGCACGTCCGGTGAAC

SAL84i-C tet-CAGGGTGGATATTATAACAGAACAC
SAL84i-T tet-AAAACAGGGTGGATATTATAACAGAACAT
SAL84i-ola P-GGTCAAGATGTTAAAATGT

SALU4i

SALU4i-A tamra-AACCTCCTGTAGTGGTTTAA tamra-AAAAAAAAACCTCCTGTAGTGGTTTAT SALU4i-ola P-ACAAATATAGTATTACCACATTATTCT

SAL70i

SAL70i-C fam-TATTTTCAAGCACAATGGTGGCC
SAL70i-T fam-AAAAAATATTTTCAAGCACAATGGTGGCT
SAL70i-ola P-GCATCATGTTATGGGTTAACTTG

SAL59i

GGAAGGAGTTCTGGAATGAGCTGGTCTGCTGAAGCGGTGCCCCCAGTTGTATAAAGTG AGCTGAAGAACTGGCCATAGAGGGGCCAGAGTGAAGAATAAT<u>A/G</u>TTCCTCAGCCTTTG GAACACCCATTGGGCAACAGCTGGCCATGGTGTCTAGTTACCCCCTCACACTCAACAG GCTAGTGGTATCAGCTATGCACAGACAGATGTTCTTGTCAAAGTCAG

SAL59i-A fam-AGAGGGGCCAGAGTGAAGAATAATA
SAL59i-G fam-AAAAAAGAGGGGCCAGAGTGAAGAATAATG

SAL59i-ola

P-TTCCTCAGCCTTTGGAACACCCA

SAL46ii

SAL46ii-A SAL46ii-T tamra-TTTCATGGTATCCAATTGGTA

tamra-AAAAATTTCATGGTATCCAATTGGTT

SAL46ii-ola P-GTAGTTACTGTCTTGTCTCATCA

SAL43ii

CAGCACACCAACATCACATCAGTTATGTGCCATCTACCTCACGTTGTTTCTCTCCCC
CATTGCAAAATTAAAATGAGGCACGCTGTCAATATCACAACAAGGTGAGCGTGGAATA
AACCAGCCTCATTTAAAAACCCAGCTCTGAGCATACCGCTGTCATCAATACCAGTTGTGA
TGAGGGTAGCTCATAAAAATCCAGACATTGTTACTGATAGCCTTTAGATTGTCTGAGCCT
TCAGTCTTTATAGC/TACCCAGCTGTCTTCTCCCGGTCTGTCACTCCTCAGCTGAAAATGT
CTTCATCTTAGTGACAGGTGACTCCCTCCCACACTTTTTGACCTGACCCACATTCCTCCA
CGGTGCTC

SAL43ii-C

tamra-CTGAGCCTTCAGTCTTTATAGC

SAL43ii-T

tamra-AAAAAACTGAGCCTTCAGTCTTTATAGT

SAL43ii-ola

P-ACCCAGCTGTCTTCTCCGGTC

SAL48ii

SAL48 C

fam-TGTTGGGTCTGGTTTTAGCATC

SAL48 A

fam-AAAAAATGTTGGGTCTGGTTTTAGCATA

SAL48-ola

P-ATGTGGTGGACTTCCCTTTGA

SAL83ii

AAGTTTGAATTGATTCTTGGTACTTAGAGCTGGGAACCACTGGATGTAACTCTAAGACTACA AGTGAATGGATTTAGCTTCCCTCTGAATCAACCTCGGCAGTGTTGCTTGGCATCACACTTTTT AGCTCAACACACACACACACCTGATTCAAATGAACTAATAACT<u>C/A</u>ATCTTAATTTTAGCCCACA ATTGGTTTCATCAGGTGTGCTGCTGTGGGGCTGGAGAAAAGTGTGACATCAACACGGCTCTT GAGGACTGCAGCTGCA

SAL83 C SAL83A SAL83-ola tamra-CCTGATTCAAATGAACTAATAACTC tamra-AAAAAGATTCAAATGAACTAATAACTA

P-ATCTTAATTTTAGCCCACAATT

SAL19D

SAL13D

TGAGAGCATAGTAATTCTGAAGTAATTCTGAAAAAAATCTGAAAAAAATTATGCTTTTATTT
TTCTTCACAAAAATAGTGCACTGGGCTTTTTAATAGTCCTGTATTAGCAGCAACACTTAGTCCA
GCATTTTATGTCACTTCGAGGAATACAACACTGAGTCTTGCATGAATCCCCTGTTGTTCTGGA
AGACTGTGTGATCTTGCTCCCCTTGGCCAGATGTAATAGCAGGACGCGTTCTCAAAGCATGC
GCACAGCAGCTGGCAGGTGTCTTCACAGACATTTTCAATCTCCCTTGTCGTTGTCTGTAATC
CCAAAATGTTTCAAGCTGACCACCATTGTCCCTGTTCCCAAGAACTCAAAGATAACCTGCCT
AAATGACTATCGTCCTGTAGCAGCCACATCTGTAATTATGAAGTGCTTTGAAAGGCTGAACA
TGACACACATCAACACCATCATCCCAATACGCATACTGCCCCAAA

SAL42D

SAL53D-B

TCTCTGTACTTTGCTCAGTTCATCTTTCCCTCAATCCTGACTAGTCTCCCAGTCCCTGCCCGCTGAAAAAACATCCAAACAGCATGATGATGCCTCCACCATGCTTCACCGTAGGGA

TGGTATTGGCGATGAGAGGTGCCAGCTTTCTTCCAGACATGACGCTTGGCATTCAGG CCAGAGTTCAATCTTGGTTTCATCAGACCAGAGAATCTTGCTTCTCATGGTCTGAGT GTCCTTTAGGTACCTTTTGGCAAACACCAAGCAAGTTGTCATGTGCCTTGCATGTGTC ATGTGCCGAATTCACTGCACTTCCATTCAGTTTTTCAACTTGTACTGGGGGACTTTCA GACCTTCTTGTGAGGCCTGTGGGCATCAGAGCAAAACGTGTACATAAGAGTCTCACC TTTCCACAGAGGGGTCATATTAGGTTGTAACTCAA

SAL57D

SAL61D

TTTTACAGTGGATATAGATACTTTTGTACCTGTTTCCTCCANCATCTTCACAAGGTCT TTTGCTGTTGTTCTGGGATTGATTTGCACTTTTCACACCAAANTACGTTCATCTATTG GAGACAAAACACGTCTCCTTCCTGAGCGGTATGAAAGCTGCGTGGTCCCATGGTGTT TATACTTGCATACTATTTGTACAGATGAACGTGGTACCTTCANNTNTTTGGAAAT TGCTCCTAAGGATGAACCANACTTGTGGAGGTCTACAATTTTTTTTCTGAGGTCTTGG CTGATTTCTTTTGATTTTCCCATGATGTCAAACAAAGAGGCACTGAGATTGAAGGTA GGCCTTGAAACACATACACAGACTCAAATGATGTCAATWAGCCYMTCAGAAGCNTT CTAAAASCCATGACATMWYATTTTGTGCATTTTCCAASCTGTTTWWARGSRCAGTCA ACTTAGTGGTATGTAATCTTCTGACCCAATGGAATTGTGATACAGKGAATTATAAGT GAAATAATCTCTCTGTATTAATTGTTGGAAAAATGACTTGTGTCATGCACAAAGTAG ATGTCCTAACCGTCTTGCCAAAACTATAGTTTGTTAACAAGAAATTTGTGGAGTGGT GTACATGTCATTTCAGGTCAATAACCACAGTCACGTGTTAGGTCCAAGGTGTCATAA TATGCGACTGTGGTCGTTTGTTCCTGCTGTATCTAAGAGACTTTGGACTGACCCAATA ACAACAGTGAAGTTAGTTTGACATTGTTTTCCCCGTTGTATGAAACCCTGCACCGCA GCCCCTACTAAAAGCCTGCAGTTCCCTCTTTTCCCTCTTTTATGAGATGTACAGTAT GTCCTGTAACCTCTGGT

SAL73D-A

SAL249D

PCR primers for the respective salmon SNPs

M13-primer attachment:

• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	ACGACGGCCAGTCCCCAGGAATGTTCTCAC ACAGCTATGACCTTTCCCCTCAAGCATAATCTA
	ACGACGGCCAGTCGTCGGGCTCGTCAGA ACAGCTATGACCATTTTCAGGTCTTGCCGTAG
	ACGACGGCCAGTTAGGTGGGGTGTAAAAGTCC ACAGCTATGACCACTCAAATTTGGGTCTGAATG
	ACGACGGCCAGTGACCCTTGGGTAAATCAAATC ACAGCTATGACCGCGACTGCTGTCATGTCTAC
•	CGACGGCCAGTCACAACCCCATACATTATTCA CAGCTATGACCGGGTAGAGGAGGAAAGG
	CGACGGCCAGTGACCCATGGCAAATCTTTTCA CAGCTATGACCCGTGACCGGGAGGCTC
	CGACGGCCAGTGGAAACAGAGTTCGGGACAGG CAGCTATGACCGCAGAAGAATGATGGGCACC
	CGACGGCCAGTTGTCCAAATCCTCTTTCCCTC
	GTAAAACGACGGCCAGTTGTAGTGCCCTTGGGTTCAT AGGAAACAGCTATGACCTGCCCAGCATTAGGTTAAGG
	GTAAAACGACGGCCAGTTTGTTGGCCAAATATGAACG ACAGCTATGACCTGCAACATTACCTTCAGCACA
3.12.102.21.113.0	GTAAAACGACGGCCAGTTGGGGGTCATAGAGCAAAAC AACAGCTATGACCCAGGGCACAGACTACAGTGG 52 b1 and b2)
	GTAAAACGACGCCAGTCTGTCGGGAGAAACACGATT AGGAAACAGCTATGACCAGCCATCCCAAGGTTCTTTT
- · · · · -	GTAAAACGACGGCCAGTCATTCAAATTGACATCGCAAA AGGAAACAGCTATGACCGTCCTACAAGCCCTGGTCAA

Without M13-primer attachment:

SAL15A-U	GCCACAACAACAGTTGAACG
SAL15A-R	TCCTCCCTCTCAGTCTGTCC
SAL46A-U	GAGTATGCCTCGACCCAAGA
SAL46A-R	GCTATTCCCACGGAGTACCA
SAL78A-L	TGACAGGATAACAACCCCATT
SAL78A-R	AGCCAGGCAGCAGCTCTAT
SAL87A-L	TTCTGTTCACGGGTGATTGA
SAL87A-R	TGGTGGAGCTTCCTGTCTTC
sal96A-L	TGTGCGCTATCTTGGATGTT
sal96A-R	CAAGGTGATTTGGTGGGTTC
SAL146A-L	TGGAAACTGGAAAAGAAGCA
SAL146A-R	CTGCTTTGTTTGGTTGAGCA
SAL147A-L	AACTTCCCACAAACCACAGG
SAL147A-R	TGGGGTAATGGGACATTGTT
SAL126B-L	ATGGCTGGTAAACTGCCAAG
SAL126B-R	TGCACAGGTGACATTCTGGT
(works for both SNP	162b1 and b2)

L-104

L-106

L-109

L-114

L-115

ACCCAACTTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAA GAGGCCCGCACCGATCGCCCT

L-184

L-125

L-135

L-173

L-154

SNP311: 377BP

GAAATGTTTCAGGGTTCTTGAGAAGTTTCCAGGAGTCAGCAAATAGGTTCAAGTGG GATTTGAACATGTTCTAAAATTCCTGACAGAAGACAGAATGGTCCATGAGGAGGCT GAGCAGTCCTTCATCATGTTTAAATAGGGTTCCTATGATTTTTTTAAGGGGCTTCTT TCTTCTCTAGTTTCAAGTGTCTATTATTGGTCATTGAGAAAGTTCCAGGAGCACTTT CAGAGGTTCTGCAAACAGATGTTGTTAAAGAAGCTATTGCAGTAGGGCTAATTTGA AATAGGTTGTCTGATTTTGTCACTGAAGTACTAAAAGTATAGTCAAAAGTATCAGGGCTCTTGAAGATTTCAGAGGTTCTCAAGGGCTCTTGAAGATTCTGAAGGTC

		TGTTCTAAAATTCCTGACAGAA
SNP311L	CAGGAAACAGCTATGACC	CTTCAAGAGCCCTGAAACA

OLA311-1	Tamra AAAAATCTGATTTTGTCACTGAAGTACTAAAAGTA
OLA311-2	Tamra TCTGATTTTGTCACTGAAGTACTAAAAGTG
OLA311-3	Phosphate TAGTAAAGAAGTATAGTCTTTGAAATGTTT

SNP107:

T-107U	TGTAAAACGACGGCCAGT	TATGGTCACCGATCAACAA
T-107L	CAGGAAACAGCTATGACC	TAGCATTGCCGTACTAAGGT

OLA107-1	Tamra AAAAACATTCATAATGCTTAAGTATTAC
OLA107-2	Tamra CATTCATAATGCTTAAGTATTAT
OLA107-3	Phosphate ATCCTTCTTAAGCATTTATAGA

SNP111:

AGTAGTGCACATGACACAGTTATTCACATGAAAACATTGCACGAAACTCAATGTGA CTGGATTACCTGATCATCTTTAGTTTGCAAATAAACTTACTGGTGAACAAAAACTG AACCTTGGTGACCACCCCTAGTTTGCTTCAACAACCCCAATCCACCATTTTTACA TATCTTTAGTCCTTTAGAACAAGTTCATGCATCAAAATATTAAGTATACAAAAAAACA CTATCCTCGTTCTTGTTCTGCGTTTTAATAGCAGAACATGACGACTTTGAAAACAGG CTGAAAACACAGGACACGGCGCGCTCGCGCACAGTTAA

AATCTATCAAACCCGCATTGCTGTAAATGTAATCAAAAGCCCATCCCGGTGCTCTG CCACATCGCCGCTTAATTAAACGGTGAGAATATTAATAGAAAACTGCTTTATGTTGA AGCAGAAAATAAATAG

T-111U	TGTAAAACGACGGCCAGT GTGCACATGACACAGTTATTC	
T-111L	CAGGAAACAGCTATGACC CTATTTATTTTCTGCTTCAACAT	

OLA111-1	TCTTGTTCTGCGTTTTAATAA
OLA111-2	AAAATCTTGTTCTGCGTTTTAATAG
OLA111-3	PHOSPHAT/TET CAGAACATGACGACTTTGAAA

snp 81: 717bp

SNP81U	TGTAAAACGACGGCCAGT	GCCACCCTTTGGAGAAAACT
SNP81L	CAGGAAACAGCTATGACC	AAAATGATGTTGTCCCACCC

OLA31-1	TET AAAAAGAGGGCAGGACTTTGTGC	
OLA81-2	TET GAGGGCAGGACTTTGTGG	
OLA-81-3	PHOSPHATE TGGGCACAAAAACTAAGA	

snp 64

ATACATGG CTTAAATAAA CAAAGTCACT TCTATTATCC ATCCATTCAT
CCATGGATGT GGAGCAGTAG CGACTACCTC ACAGTCCACT AGTCCCCAGT
TGTGTTACAG AAGTTCTTCA GTTATCTGCA CGCCACCTGG ATAGAAAGAA
AAAAGCAATC TATCAAATAT GTTTTTTGTC TTCTTCCTGT GCACTTGTGC

TCTAATCAGG TGATTTCGGT TAATGTGGAA AATAGTGGAG CGGAACAGCA AAACAGGTTT TGAGGAGTGA AAATACACAT GGACATTGCT TTTATTTTTA TTGCACAAAA GGAGCATGAT GGTAAAGGGG AAGCTGCATC CAGGACAGAA ACAGCTGCAT TTTTCAGCTT CTTTCAAGCA CCTGCACAAA CAGCATCCTA ATGCTAAGCT AACCAGGAGC CCAGAGTCA TGACAAAGC TGAGTGAAT GCCCAACCCC ATT

SNP64U	TGTAAAACGACGGCCAGT	CATGGCTTAAATAAACAAAGTCA
SNP64L	CAGGAAACAGCTATGACC	GTTGGGCATTCACTCAGCTT

OLA64-1	FAM AAAAACACTATTTTCCACATTAACCA
OLA64-2	FAM CACTATTTCCACATTAACCG
OLA64-3	PHOSPHATE AAATCACCTGATTAGAGCAC

snp99: 528bp

SNP99U	TGTAAAACGACGGCCAGT	GCCACACTGCTTTGGCTATT
SNP99L	CAGGAAACAGCTATGACC	CGGCTCACAAACACTGATGT

OLA99-1	FAM AAAAATCCAGGAAGCTACGGTT
OLA99-2	FAM TCCAGGAAGCTACGGTC
OLA99-3	PHOSPHATE GTCATCTATGATTACTACGAACC

SNP38:

TACACAGACCTGGGCAATTTAAAGTTGCATTGTGGATCACGATTGGTTAAÄAACCAA
CGAACTGCAAATTCACGCTTGATATTTCATATTTTAGTGAACACAGAGAAAATTCT
TTCTTTAGAATGAAAATGAGTTGTTTTCTGAGAACAAACTGGTTTGGGATTGTAAAA
GACATCTATATACATTTTTATTGCACTTTAAATGTCTGGTGAAGTCTGACACTCTTTA
AATGAAACCAAGACTTTTGTGAATTGCTGGATTGATGGCGGTCATAAAATATGACAA
AATGCTGGTGATGTCGACAGACTGCTGTGGCAGCCGCGAGGAGAGGGCGGCTTCTC
GTGAGGTCATATCCAGAGACAATACTTTAAGACTTGTTTGCTCTATTAAAAAGTTGG
ATGAAGTTCTACTTTTGTAAATGCGCGGTAGATCATTTTGTTCCCGGCTCTCAATCAC
TCGCCAATTCTTCATTCACCTCAATTAGATTTCTCACATCATTACCAATGTTTAGTGA
CAGCTGTAGATTATGCAGAATGTCTTGCTGATTTAATCACCCTTAATGACTGGGCTA
GTCCTGTGAAGATTGATACAAACATCTTTCCCCAGAGGCAGAATGGA

T-38 U	TGTAAAACGACGGCCAGT	CAACGAACTGCAAATTCACG
T-38 L	CAGGAAACAGCTATGACC	TCTGCCTCTGGGAAAGATGT

OLA38-1	GGGAACAAATGATCTACCG
OLA38-2	AAAA GGGAACAAAATGATCTACCA
OLA38-3	PHOSPHATE/FAM CGCATTTACAAAAGTAGAACTT

SNP69:

SNP-69U	TGTAAAACGACGGCCAGT	GATGCTGCTGCACTCAATCT
SNP-69L	CAGGAAACAGCTATGACC	ATGGTTTGAAGCCAGCAAAG

OLA69-1	Tamra AAAAAGATACCCGTCCCACTGCCT
OLA69-2	Tamra GATACCCGTCCCACTGCCC
OLA69-3	Phosphate ACATCAAGCACCATGTCCT

snp 120 543 bp

SNP 120 U TGTAAAACGACGGCCAGT TCTACTCCAGAGGCATGTTC
SNP 120 L CAGGAAACAGCTATGACC TTTCCCCCACTGTATGTTT

HEX: 120-1	25	AAAAAAGTACTGTGGTCCTTTCGAT
HEX	20	AGTACTGTGGTCCTTTCGAG
P	20	CCCTTTATTTAAAAGAGGGG

SNP'EN KAN VÆRE EN G ELLER T.

snp 126 472 bp

SNP 126 U TGTAAAACGACGGCCAGT GTGAACATCACATACACACCA SNP 126 L CAGGAAACAGCTATGACC AAGGACAGAATGCACATTAAA

126-1	24 19	AAAAATTCTCCTGCTCCTGGGACG TTCTCCTGCTCCTGGGACA
P 126-3	19	GGGCATGCACAAAGTAGC

SNP = G/A

snp 135 770 bp

SNP 135 U TGTAAAACGACGGCCAGT GGCTGCCTGTAGAATGTAGA SNP 135 L CAGGAAACAGCTATGAC GAACACAGACCTGCCATTGA

135-1	25	AAAAATGCTGCACTTATCAGGGATC
135-2	20	TGCTGCACTTATCAGGGATT
P 135-3	19	GCCTCTCATTCACACCGTG

SNP C/T

snp 164 401bp

ACCTGCAGTTGGTAAGGGACTACATGTTGCAGAAACATGTCATATTGGGCTTTACT
GTCATAGACTGTGAAGATGGAGATGGAGATGGAATGAACCATTTATACCCATCTTG
AAACCTAAGCTTTAGCTATATGTACTGCTTAGTTTTTTTAAATAAGTGATCATATTTC
AATTAAAGGTTGGAGCAGTAAGCTAATGCTAGCACTAATAAGGAACCATCCAAAGAC
TTGTCTGTCACACAGAAACCTTCTAATAAATGCTCAGTACATTCCAATAAAATCCCA
GAATTTTACTACTCAAACTGGAGCACAGACTTCTTGGACAGTCTGTCAGTACAGTTA
ACTACACAACAGCCGTATTATGTGTTCCAAAAGTGATGGTGAGTTTAACCAGGTGA
GGTAA

SNP164U 'TGTAAAACGACGGCCAGT CCTGCAGTTGGTAAGGGACT SNP164L CAGGAAACAGCTATGACC CACCATCACTTTTGGAACACA

164-1 26 AAAAATGAAATATGATCACTTATTTT | 164-2 21 TGAAATATGATCACTTATTTA | AAAAAACTAAGCAGTACATATA

SNP= A eller T

snp 165 536bp

GTATACTCCTGCTGCGTAAGGCAAACAGCAGTGGTGACTAATACAGCCACACTCCT
GACTTTGAACCTAAAAAAACATCCAGTCCAATGCATCTGACATAGAAACCGCCTGC
CTGTACTTTGCTATTTCTGGCAATGGGATACAACACCTCTGACTAACCAGTGTTTGC
TGGGTGTTAATTACAAATACTCTAATTATACACTTTGGAAATTTCAGCAAATACACAT
TACTGTGCAAAGGTCTTGAGGCAATCCTCATGCCTTGATATGTTTCTAGGAAAATG
GGAAGTAGGTGCAGCGATTTGCATGGACACGTGCACGAAAAGGACAACAGAGTTT
TTACAATTCCAACAAACTTCAAAGTCAATATTTGCTGTGACCACCCTTTATTCTTCAAC
ACAGCCTGAACTCTCTTAGGAAGGTTTCTTTACGTAGTCTTCAGGAATAGTTCTCCA
GGCTTCTTGCCGGACATTTAAAGCTCTTTTCTGTGAAGATGATCCCACACTCTGTC
AGTAACGTTGAGGTCTGGGCTTTGGGA

SNP165U SNP165L TGTAAAACGACGGCCAGT ATACTCCTGCTGCGTAAGGC CAGGAAACAGCTATGACC GCCCAGACCTCAACGTTACT

1000	165-1	23	AAAAATTGAGGCAATCCTCATGC	1
ame	165-2	18	TTGAGGCAATCCTCATGT	
Р	165-3	23	CITGATATGTTTCTAGGAAAATG	

Snp= C eller T

SNP178: 712BP

SNP 178 U SNP 178 L AGGGCGTTTGGACTGAAAC ACGGCTCCAGCAGAGATTC

178-1	31	AAAAACAATATTACCTACCATTATCAGCACT
178-2	26	CAATATTACCTACCATTATCAGCACC
P 178-3	22	AACAATATTCGGGAAATCAGAA

Tot.lengde 48

SNP= C eller T

SNP 184:442BP

GTGGTAGCTCCTGCAGTGATTTGAGCACCAAGTGAACAGATGTTATGTTGTCGTCA GCTCCTTTTCCCAGTGCCTGGGACAGCTGTTCAAGATCCTTTATTATATGCAGCCT GAGAAACAAACTGACGTCCTTCACGGGTGGCTGGATTATCTGTTGGACAACCTGAA CAAAGAATGAGTGACAGCATCATTGTTAGACGTAATAAAACAAGCGACATCATTCA TTGAGTTTTGCGGATTGTTAATGAACTCGATGGAATGATTTGAGAGCTTGGCTACA CATAAACTAAAAATATGCTAGGAGTTAAGCTGCTTAGATATTGCCACTACTGTACAA AGTAACTCTCACTTCAGATACTTCATTTACAAATGATTAGGATCCACAAAAATAGAG TAATTATGATCTGCTCACCTCAGGTTTCTCTGAGGCTCCCAGCATCAT

SNP 184 U SNP 184 L TCCTGCAGTGATTTGAGCAC GGAGCCTCAGAGAAACCTGA

184-1	28	AAAAACTAACAATGATGCTGTCACTCAÇ
184-2	23	CTAACAATGATGCTGTCACTCAT
P 184-3	21	TCTTTGTTCAGGTTGTCCAAC

Tot. lengde 44

Snp= Celler T

SNP 517 562 bp

AATTTAGTTAGACTCTCGAGATTTTAAATACAATAAAAACAGTATAACCTGGTAGTAA CACATGTCGTACTCCAACTGGTGGTTTGTTAGTTAAGCCACATGTGGATTTAAGCC ACCAGCTGACAAAACTATTCACTAGCAGCATTTAACCTATGAATGCTAAAGCGAGC TAGCAGAGGTTGGTTAGCTAACTGGCTGGCTAGGTAGCCATGTGGAATCGACCAC GAGATCTATTCGCCCATATGTGAATGGAGCGGTAAATAGATTTACGACGCAAGACA

TCTGCAGTTTACCTACTTACGGTGACGGTTTGGGTCCAGGGGTAGAATAACACCG GTAAAGTTCACGACAACGTCAGTGACCGTAGTTGACAAGGGTCCGCCCACTACCA GACTCATCTGTGCATTGGCTCATGTGCATCTCATGCCGGCAGCAATTGGCTGAAG CTAGGACACCCTTTTGTAGTGACGTATCATTAGATTAATTTACTGAACATTCGCTG AAT

TGTCGTACTCCAACTGGTGGT SNP 517 U TGTAAAACGACGGCCAGT SNP 517 L CAGGAAACAGCTATGACC TTGTCCTAGCTTCAGCCAAT

FAM: 517-1	27	AAAAAATCTATTTACCGCTCCATTCAC
5-2 FAM 517-2	22	ATCTATTTACCGCTCCATTCAT
P 517-3	20	ATATGGGCGAATAGATCTCG

Tot. lengde 42

Snp= Celler T

SNP 560 730 bp

ATGAGACAGGGTTAAGCTGTGAGCATAAAAGATGCTCAAATGACAGGAAGAACTG GATGGACCAGGATCAAGTACACGATTTGACTGTGCGCCAAGCTGTGCTGTGGC ATGCCTTCGACTAATCAGCTCTGTGTCTCTGCCACCTGCACTGAGCTCTCATGAAG CAGAGGGGCATTTGAGGACTTGAAATAAAGACTTGTGTATTCCTTGTCATGTGCTT TCCTTTTCAACACATTAAGTTTCAATTTTCATATATACTAAATCATGATCGGCAAGTA CTGCAGCTAGATAAAGATAGCCAGGGCTTATCCCACAAACTAAAGAATTTGCAAAG ATATGAGAAAAGAGCTTCGATAGAAAACTTTGTGGTCCAGAGTGATTAGCATAGC AATTTTCTGCTTTCTGCTTGCCTTGCAACTAATTTACCCAAAAGCACAATAGTTTT ATATAATAAAGGCTTAATAAGGCTCCAATAGGTTCTCTCAAATCTGCTCAAAAGAAA AAGTCAACAACAGAAAACCTCAAAAATTACCCCAATGTAACTCCACCACAGATTTCT TTCATGACCCCAAAAGAATGAGGTTACAGGCTGTCCATTCACTTGGACACAAAGAC AAAGTCCCCATTATGGTTGCCTTGCTCTTTATAGAATCCTAACCTATACAGTT

SNP 560 U SNP 560 L

TGTAAAACGACGCCAGT ACAGGGTTAAGCTGTGAGCA CAGGAAACAGCTATGACC TAAAAGAGCAAGGCAACCAT

EBS FAMES!	560-1	26	AAAAAGGCATTTGAGGACTTGAAATG
EAM	560-2	21	GGCATTTGAGGACTTGAAATA
P	560-3	24	AAGACTTGTGTATTCCTTGTCATG

Tot. lengde 45

Snp=A eller G

443

TTATTCATTTGTGTCTTGTCAAGATTGTCCTTTTTCAGTATAGGTTTTATTACAGCAGT
TTTTAGTGATTCTGGAAACACACCTGATATTAAAGAAAAGTTGACGATCTGTAACAG
GTCATAGATACTGAAACTACATGTTTSGTCAATCTCCGACCAAAATTCACTGAGCCA
GCAGCAAAAGAAGACCAAATTTATGCTTCATGTTAGAAAAACATTGTCATGAATTCC
AAAAATGTCATCCAAAAATGTTAAGGGAAAAGCTATAACTCACCTAGAGCTGTCCA
TGATACTGTGCAGGCGGTGGGCGATGGTAAGGACTGTGCAGTCTGAGAACTCTTTGC
GGATGGTGTTCTGAATCAGGTTGTCTCCAGGTCAACAGCTGCCGTGGCTTCAT
CCAGAATTAGGATACGTGACTTTCTCAGGAGTGCTCGAGCCAGACACAGCAGCTGC
CTCTGCCCAACACTGGGAAGATCGTAGGTCATAGCTGTTTCCTGG

SNP-primer sekvens:

OLA-primer sekvens:

OLA-443-1 AAAAAGGTCATAGATACTGAAACTACATGTTTC

OLA-443-2 GGTCATAGATACTGAAACTACATGTTTT

OLA-443-3 GTCAATCTCCGACCAAAATTCA

PHOSPHAT

484

SNP-primer sekvens:

snp484u TGTAAAACGACGGCCAGT CCCAC	GTCCACCAAGGTTFFK
SND4841 CAGGAAACAGCTATGACC CGCT	CAGECTTAATCTINGGESSEE

OLA-primer sekvens

OLA-484-1

AAAAATCTGATCATCTACTGCCTAGATGTCA

OLA-484-2

TCTGATCATCTACTGCCTAGATGTCC

OLA-484-3

TACGCAACAGACAGTTCCTTCT



573

CTTACAAATGGGAAAGTGAGGACACGTCATTAAAGATGCCATCGGGAAGCTCTGA
GATTTCATTGCCATGAAGAGACCTTAAGGGTGAAGGGGAAGGAGAGAAAAAG
AGAAAATTCATGAAGACATCTGAGCACAGAAAGAAAATCATACTATTAGAACAAAGT
TCAATAGAAGATTTACTGATTGGTCAACTGCCAGAAAATCAACTAGTTTTTGATTTG
TTAAAACACACTAGTATCAATTTTTTTTTAAAAAGACAAGTATTTGAACATTGTCCAT
GAAATGTCCCATTTCAGTATTTATAGCAGTGCTCCTGTGTCCAAATGGTAAAGCTAT
ATTTTTTTGAAAGTAAACCAAAGAGTCGATATATTAATTGTCAGTGCTGGGTTGATT
GCTTTCCAACAAACCAAAACCAGAAATATCAGGAACAATGGCGCAATGTTGTCTTG
GCATTCTAAATGAGCGGGAGGTGGTT

SNP-primer sekvens:

EDDS72	AAGTGAGGACACG
SND573U TGTAAAACGACGGCCAGT AATGGGA	THE SALES OF THE PARTY OF THE P
CACCAMA CACAMA CACCAMA CACAMA C	AAGAGAACATTCC
SNP5731 CAGGAAACAGCTATGACC GAATGCC	ANONUAL DU TITULE TO THE PART OF THE PART

OLA-primer sekvens:

OLA-573-1

AAAAACCATTTGGACACAGGAGCACT

OLA-573-2

CCATTTGGACACAGGAGCACC

OLA-573-3

. GCTATAAATACTGAAATGGGACATTT



638

SNP-primere:

SND638L-S-TGTAAAACGACGGCCAGT CATTTAGATTCCCAAAGCTTCAA-SND638L-S-TGTAAAACAGCTATGACC TGAATCATTTAACGAACGGTAG

OLA-primere:

OLA-638-1

AAAAATTTTAAGACACAATTGGAAGTATGAC

OLA-638-2

TTTTAAGACACAATTGGAAGTATGAG

OLA-638-3

TGTGCTGGTTTGGGTCAAA



454

SNP-primere:

Ort princi	•
snp454u	TGTAAAACGACGGCCAGT CATEFATCAGTTGCCATGTAGC
snp454l	CAGGAAACAGCTATGACC TIGGATG TIGC TIGTCATCC

OLA-primere

OLA-454-1

AAAAAAGGCTGTGATCGTCTTCATTCC

OLA-454-2

AGGCTGTGATCGTCTTCATTCT

OLA-454-3

TGACTTTGTACTTCTAGCAGAAAATG



491

ACGGCCAGTCACACAGCCCCTTTCTCAATTTGATGACACATGTATCGGTCCCGCTGC
TAGCTGTTTAATAAAGTCATTGACAAAGAGCCAGCATGAGACAGTGTCTGAAAGCA
GTTTCAAGAGTTGTGAGAGATTGGCAACAGTCTGATACSGAAGGAGATAGAGATG
CTCTCCCGCAGGGTGTGATTTAGACAGGAGGCGGAACTGAGCTCTGGTGGGCTGCG
ACCCATTTAACCCCTGGAAGTGACGCTGCTGTTCTTTCACAGTTAATATCAGTGTTCT
ATTTAATAGCCATAATTTATACAGGTTTATTGTTTGAAACCTTTTGCATACACTATAT
TGCCAAAAGAATTCACTCACTCATCCAAACAATCAAATTCAGGTGGGTCATAGCTG

SNP-primer sekvenser:

SND491U CAGGAAACAGCTATGACC CACCTGAATTTGTTTGGA

OLA-primer sekvenser:

OLA-491-1

AAAAAGAGAGTTGGCAACAGTCTGATACC

OLA-491-2

GAGAGTTGGCAACAGTCTGATACT

OLA-491-3

GAAGGAGATAGAGATGCTCTCCC



PHAT

SNP 528

SNP528U

TGTAAAACGACGGCCAGT CATTTGAGATTATAAAAAGCA AT

TTCAA

SNP528L

CAGGAAACAGCTATGACC TCTTCCATTTGGCTTCACCT

OLA-primere:

OLA-528-1

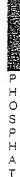
AAAAAACATTCTTGATTTTTAGTTCACAAACA

OLA-528-2

ACATTCTTGATTTTTAGTTCACAAACG

OLA-528-3

CTTCTTGTAATGACTACTCCTGACATT



TN299

TN641

TN203

TN307

CTTGGCAAGG ACACATTGAA CTGCGGGACT CCTGCCATAC ATAGAAACAC ACACACACAC ACACACACAC ACACGGACAC TCATTCACAA AATGA

TN210

TN537

TN655

TN380

 ${\tt NTTGNCCNNTTNGTTTTAAAAACGTTTGTTNAATTTGGGAAAAAACCNTTGGNNNGTTTNNCCC}$

TN188

TN371

TN320

TN124

ACACACACACACACACACACCTTATGGAAGCTATTAGTTCTGATAACTATTATTA CTTCCTAATCATCCTAGTGTCATGTTGAACACTTCACAGGAGTGAGAAGCTTGCAAA TCTAAGCAGGCAGGTGTCAAAGCAAAAAAAAAAAAAGAAGAAGAAGAAAAAAAGGAA GAAAAAAATGCTGTAATGTTGCAATAATGTGCAGGCAGCTGAGGAGAAAATGACTG CCCAGATACAGACTGCAGCTAAGTGATTCAGAAGAAGAGGCTAGCGAGCTTTGACT GAAGCAGATGGCCTCTGTTATAAAAAAGTGCATTAAACACAAAGATCTTCTTACTTT ACCCACAGAAAGATAAAGTTGATGCCGTTTTATGAACCCTGNGNGGATATAAAGAG CCCACTATTGGGAANTATGGACAGNGCTNCTNTCCATGG

TN223

TTNACTTTTAATTCCCTTTTGAACGCGGCCGCNGCCGTTCTAGAACTAGTGGNTCCCC CACAAAATCTCTCCAGCCTGTAAGAACAAAACAATGCAGTCTTATCAGGGATCTCTT ATTTGTTTACACAacaaATCAgAGCCGACTGGTGGAAAGTTCCTGCGCTTTTGTTTATC TCGGCTAACTGAGGCCAGAAGAACAGGACGGTCCAGTTGATTACTTGAGGTGTTTTTG TTTACATTTCTTTTTCAGGAAGACTTGCAGCAGTTGATACTCATGCCTCTCCC AAATGTTGCCATTCTGGGACCTGTGTAAAAGCAGCAGGATTTACGCTGGAATTTTAG TTCTGCTGAGCCAAATAAGACAGGTCAGGGTGAAGAAGGCACAGCCAAATAAAAGC CTACCACAAAACGGAAANGTTATGACAAATCANACTATGAGGCAAAAAAGAAAGCT CAGCTTTTTTGGTTTCATGGACAAAAGAATTTATGTGGCTGGAATATGACGAGCTAA ATAACATAATGTTCTGCCGGGTGTGTNGTGAGTTTCNTTTNATTTGAGTCGACAAGC GCCTTTTGTNACTGGGACCAGTTATTTNGNAGAAANACCCCATTAGAACCCATGAGN ANATCAAGAAAGCATTATTTGCCCANNTCTGCNATATCTTTTCCCAGAACAANACAN GCATTTGCAAAAANATTAACCNNGCNGNAACCCNAAGTCCCTGAAAAAATNTTTTA AAAGCGGGGGCTNC

TN369

TTGATTNATTCCCTTGGAAACCCNGTNCCNTTTGGAGGTCGACCGTATCGATAAGC TTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCNTTATATGCATTCATCCCATCACCTGGAACaCAC ACAGAAAGCTGAGTCACACTAAAATAATTACTCTAATTACTcCATTTCATCACTAGT CACACACACACACTGTGTCACTCTTAAAGAAGTAATAATACACCAAGAAAAATA CCTGACTGATGTAACAGGAATACACTCTGATCAGATGCCAGACTCGTTAAACTGGTT TCATGTGTTTCCTTGCGGTGACAGACGAGCATTAGCAATTTACAATTTACTGTTCCTT GTTTGACCTTTATATTTTGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCGNG GTGGAGCTTCAATTNGCCCTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCCGTNG TTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAANTTTAATNGCCTTGNA GCACATTCCCCTTTCGCCACTGGGGNTAATTAGCGAANAGGCCCNCCCNNTC

TN346

TNNNNTNTTGGNCTTTGAAGCCCNTTCCGGGCCCCCCCCCGAGGTCGACGGTATCGA AGTGTGGTAGCTTTTCATCTCCAGAGGGGAAAACACAGGCATGTATTTGCTTGTTTT GCTTCTATTGTGTGGCTGAGATGAAAACTAAACAGAGCCGAACCTGATCTCCTGT CTGATGCACACACACACACACACACACACACACACACAAAGATGTGCATGCC

TN689

TN377

TN284

AAACCTTGGNGTACCCCAACTTNAACNCCCTTNCANAANAATCCCCTTTTCCCAANT TGGNNNANTANCCAAAAAGGCCCCAACCCNATCGCCCTTTCCAAANAANNTNNCNC AACCNTNAANTGNNAAANNGGAAAANTNTNAACCNNNAAAAATTTNNNNNTAAAA ANNNCNNNNANAAAATTNNNNNTAAAANNANNNNNNATTTTTTTAACCCAANNNNN ÇCAAATNNGNNAAAAACCCTNNNAAANCAAAANAAANNNCCC

TN180

TN293

TN505

TN387

TGATTGCACT GCTGGATGTT GGTATCCTTG CTGTGATACT GTAAGTCATA

TN462

TGNNNTTTGAANNNCTNTGAATGGCCCTTNCCGCGGTGNCGGCCGCTCTAGAACTAG TGTGTGTGTGCGTGTGCAGTGATGTGTAGTGCTTTTGTCCTGTCCATGGTCCTACT GACTTTCACCTGATGTATGCTGTTAGATTTCCCACTCTTCAGTAACCCGTGGACTTGA AGCATTATCAATGATAAGGAATAATTCAAGTTATTCCAGGTGTCCCCAACCTCAAAG GGTCACTATAGTTAATCAACAGTATAGAAAAAAAAAACACATCAGTGGGCTGCAGGAA TTCGATATCAAGCTTATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGCCCGGTACCCAGCTT TTGNTCCCTTTAGTGAGGGTTAATTGCGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGNTT CCTGTGTGAAAATGNTATCCGCTCACAATTNCACACACACACACACACGGAACCGGAAGCATA AAGTGTAAAACCTGGGGTGCCTAAAGAGGGAGCTAACTCACANTAAATGCCGTTGC GCTCACTGGCCCNTTTTCANNCGGGAAANCTGTNGNGCCACTGCATTAATNAATCGG CCAACGCNCCGGGAAAAGCCGTTGCNTATTTGGGCGCTNTTCCNTTNCTTGGTAATG ACTCNNTTNGCTTNGGCNGTTCGGNTTNGGNNAACCGGNATNAGNTTACTCAAAGG GG GGNAN

TN201

TN658

TN366

TN273

TN608

GAACAGAAGAACACCCCTGCCAGCAGAGAGCTCANGTTCCTACAGACTGACGCAG TGTCACTCATCCACTGTGCACACACACACACACCGACACACCCCAGCCTCCTTTTG CATGCCGTGTTTCTAGAGATATGCATTCAACATTTCATGTACACACATAAACAAGTC GTTGACACACACACACACACACACACACTCTCATGTATACAGTGAGATACACTCT TTCTCTTTTGAATTAGTGATGAGGGACTGAGCTGCTGAATTATGCAGGAGACACAAA GAGAGAAAGTTGCTGAAACTACACATGGTTTT

TN237

TTTGAATGCCCTTCCANGCCCCCCCCCCGAGGTCGACGGTATCGATAAGCTTGATATC GAATTCCTGCAGCCCACATTATCCAATGCACAGGTGTGĞAAAAAGAGCAGCAATGT GCACAGACacTGATGATGTTACACTGTCAGTAAAAACATCAGTAGGCTTAACTCTGA AGGAACACTGACACAGCAAAATTGCATCAGTGTTAATCCCATCTTAATCACAACATA

TN321

ACCTGGCAAA CAACACACTA AGGTTGGACA ACTGGNCGAA TTTATCGACC ATCGATCATA GACTGAGCCT TTCACCGATT GTTTTTACAA GAGCGATTTA TTCATTTTCC CATTAGTAAG TCTGCTAATA ATGTTGGTTG AAGCTAAGAG AAGCAGTCCA CACACACAC CACACACAC CACACACAC CACACACAC CACACACAC CACACACAC CACACACAC CACACACAC CCCTTTTCCA GCTGTGAGCA AATGCATGCT CTTCAGAGTG CGACAAATGA CTCCTTTTCC ATGGTATGAA ACAACATCAT TTCCTTGACA GATATTTAGA ATAGCCAGA GTGCACAGTG TCCACCTGGG GCTGTCTTTT TCATATTTAA CCATTTTAGT CAAATCACTT TGGATATTCT GCTGGTGAAA AGCTTTTCCG GAGCTTGTCA ATCAAAAAAGT CACCAAAAGT CACCTGCATG AATATATTGC TATCGTCAT TTATTGGGAC TGATGAATGT CNGTTTGGAA AAAATTTTA GTTTTTCACC CCAACCTTTN CTACCGCACC CAAAGTTNTG GTATTTAGTA ATTNTAAAAC CTCTTTACCN AGGANN

TN390

TN472

TN294

TN552

TN520

TN197 TTTGATGCCTTTGGAACCACCGCGGTGGTTTGNCGCTCTAGACCTAGTGGATCCCCC CCATGGACACCAGAACAGGAAAGTNATGAACACACACACACATCTACACACACNCT GACTCAGCATGAAGTGATACACACACATGAACACATGTGAACTCGTTGACTGAGTG AGAAATGACACACACCTACACCGAAATGGTGATTCATTGAGAAGTGATCCACAC GTGCAATGAAGAATGCTTTGCTAACAAATGCTTATGCTGATATGCAAAATGCTGCAT ATTACACAGAACGCATTTTATGTCATCCAGAGGGCACATTATGTGGGCTGCAGGAAT TCGATATCAAGCTTATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGCCCCGGTACCCAGCTT TTTGTTCCCTTTTAGTGGAGGGGTTAATTGCGCGCTTGGGCGTAATCATGGTCATAA GCTGTTTCCCTTGGGTGAAAATTGGTTATTNCCGCTTCACAATTTCCACACACATAC NGAGCCCGGAAGCATTTAAAAGGTGTAAAA

TN538

ATCTGGACCAACAACCATATTCAAAGTCAATGAAATCAACTTTCTTCCTCATTCTGA TGCAACTCTCAGTTTGAAGTTCAGCATGTTGTCTGGATCTTGTCTAGATGACTACGG CACACACACACACACACACAGTGATCAGTGGACCTAAGAACAGACCACAGCAACA AA

TN211

ATNTTGTAAC ATGAAAAGAT TTANAANGAA CTNCCCCGCG TACTTGGGNA AAAACCCCCA GGGGATCCCC CCNGGAGTCA GTTACTGCAC AGTTTTTTGG CAAGTTGAGA GGCTACTGTT AAACCTAACC ACACACACAC CACACACAC TAAGAGCAGA AGCATGTGTT CCTGAGCATT GCAGATATGT ACTGGTAAA CATGCCAACT AAGGTTGTGG GTTGTTTTCA CATTGGCTCT GTGTGCATGA AGGCGTTTTA ATGACAGCTT TTGGGCTGCA GGAATTCGAT ATCAAGCTTA TCGATACCGN CGACCTCGAG GGGGGGCCCG GTACCCAGCT TTTGTTCCCT TTAGTGAGGG TTAATTGCGC GCTTGGCGTA ATCATGGTCA TAGCTGTTTC CTGTGTGAAA TTGTTATCCG CTCACAATTC CACACAACAT ACGAGCCGGA AGCATAAAGT TAAAGCCTG GGGTGCCTAA TGAGTGAGCT AACTCACATT AATTGCGTTG CGCTCACTGC CCGNTTTCCA GTCGGGAAAC CTGGCGNGCC AGCTGCATTA ANA

TN412 AGGGTNNTNANNTTATNTTNTANTTGNNNTNNAATNTGATGCCNCCCCCTTTCGAGG TCGACGGTATCGATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCGaCATTGTCGGTGG ACATTAACGCCACAciGTGCAGTAGTGACCTTGAATTAATTTACAGCACGATGCTGCT

CGCAAAACATCGGCAGCATTGTTTCCTTCAGAAAATGAGGTCACGTTAAACTACTTC ACACACCAGTTTGTTATTCAAATAAAAGATCAACTGTGATAAGTCCTAAGTGTCTAA TTTATTAGAAATGTTCAAAACGGAGACAATTAAATCGCATCTTTTGTGTTTACAATG TGACAACACAACACCACTTTTGTCTGCGTTTGCCTGGTCCTTTAGGCTCAGGCAGC AGCATTATGTTGGTCTTGCTTCTTTCAGCTTTGCTTCCCCAGTCTTATCCAGTCC ATCATCCTTTTTCCAACACGAGCCATCTCCCTAGCAGCCAAGCCAG

CGGCTCAGCTTAGCCCGGCGCACTGCTTTTAGCACACGGCATTTNCACGTGCATGTC GGCAGTGTTATTTACTGAGATGTATATATACATTCACAGGACTGATTACAGCCGCTA AGAAGTGTATCTCAAACTGTAAATAATTCAACATAGACAAGCAGCTTGGCTCTGACC ATTTTCGTCTGCAAGAAGGAAAAGTGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAAGCTTA TCGATACCGTCGANCTNGAAAGGGGGGGCCCGGGTANCCCAGNTTTTTGGTNCCCTT TAAGNGAGGGGTTNAATTNCCCCGCTTTGGCCGTNATTCAATGGGNCANTAGGCTTG GTTTCCCTGGGGNGGNAAG

TTNTNTTTNTNTCNNGTAGNTTCTCACNCGATTGGCCCNTCCTTTTTGGGTTAAGGTA NCCNATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCAAATCTTACNNTGAGATCATCCCA CACACACACACACACACACACACACACACAAGATCCAATAGTTGGGTTGCAGTC ACGTGGTTCTGATGACGTGCGGAGGCAGCGCGATTTTTGAGTGGAGGGCGGAAGTA AACATGGAGGACACTGTGGAGAGTCAGGAGAGCAGCTATTGTGCAACTTTAGACCC CGTTTCTCGGGAGAGATATAAACAGATAGTTAAAAAATATATCGGACGTGATCCGT ATTCTTTGAAAATGTCCGAATACACCACAGCAGTAAAGGATTTGCCTACTATCGAGG CTGTGGATGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCGCGGTGGAGCTCCAA TTCGCCCTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCGCTCACTGGCCCGTCGTTTTACAACGTCG TGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACTTAATCGCCTTGC

TN134

TTNTATNTTCATGTGANTCNNNNTCTCCCCCGCGNTGGCNGCCGCTCTAGAACTAGT GGATCCCCCACCAGCAGAATAAGGTNGGNTCACCATACAGTCTTAGTGACAGCTGA CAAAAAAGAATAGGAGATAGTCTGTTGCCCTCAGACACATCTTTGCACTCCAAGGC ATCACACTGGGTGTGTGCGTTTGTGAGGTTCTGCATATTTTGAGCACTTTTTGAGCAA GATTTAATTAAATTAAATTTAATTCAATTTTATTTATATAGCGCCAAATCCCA NAAGAAANACCCAACNATCATATGACCCTGAGCNGGCACTTTGGTTGACAGTGGNA AGGAAAAACTCTCCTTCAACANGAAA

TN221 TTGTNNNNCCTCGTNAATGCNCTTTTGAANGCGGCCNCGGCCGNTNTAGAACTAGTG GAtCCCCCCAATTGATGAAGAGGTAACACCAGAGTAGAGGCTATTaCAGAAGTCGA GCTCACGATCACGTTTTTTATTATAATAACAATGCACCGTGACAGCTCGTCCCGGTC CTCATGACACAATCGCCACCACCTGTGGCTCACCTGCCTCCCGGTGGGCTGCAGGAA TTCGATATCAAGCTTATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGCCCGGTACCCAGCTT TTGTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATTGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGGTT NCTGTGTGAAATTGTTATCCGCTCACAATTTCACACAACATACGAGCCGGAAGCATA AAGTGTAAAGNCTGGGGTGGCCTAATGAGTGAGCTTACTACATTAATTGGCGTTGCG CTCACTGGCCGCTTTTCANGTCGGGGAAACTTNNTCGTNNCNANGTTGCANTTATTG AATTCGGCCAACNCCCCGGGANAGGCCGGTTTCCGTTTTTGGGCGCTTTTTCCGCTTCT TGGTTAATTGACTTGCGCTTGGGNNCCTTNCGGTTGGGGCGANCNGGTATNAAG CTTANTTNAANGGCGGNAATACCGGGTTNTCACANAAT

TN470

ATATTGTGTG AGGGGGTGTC TTCCTGGTGT CATGCTGTGC TGGCAATATT GCAAAAGACA TGCTCAGGTG TGCGTTCAAG TGTGTGTGTGTGTGTG CGTGTGTGTGTGAAGACAG AGAGAGATAA GGATCTTTGT CTATTTCCGC ACCTGCTTAA AGAGTTGTGG GACCGTGATC TGATTGGCGT CTCCTGAACA GGGACTTCTG GTATGGACGG AGGCTCAGTG ACCGGCGTCT GTTCCTGTGA TAACAGGGGA GGGGAAATGT GAAACACCAG CATACTGAAT GACAAGAGAG TGGGGGATCC ACTAGTTCTA GAGCGGCCGC CACCGCGGTG GAGCTCCAAT TCGCCCTATA GTGAGTCGTA TTACGCGCGC TCACTGGCCG TCGTTTTACA ACGINCGIGA CIGGGAAAAC CCIGGCGITA CCCANCITAA TCGCCITGCA GCACATTCCC CTTTNGCCAG CTGGCGTTAA TAGCNAAAAA GCCCCGCACC GGNTCGCCCT TTCCAACAGT TTCTCCATCC TNAAATGGCC GAATGGAAAT TTGTAAGCCG TT

TN206 GGNNNNGNNNNTANNTTTNTNTTCCTANTNTNGAAGATNTANAGGGANCCCTCGT TTCTTTNGGGNAACNACCCTATCGATAAGCTGGANGTCGAATTCCTGCAGCNNCTTT GTGTGTGGTCTGAGTGGTTCCNGGGGGGGGGGGGGGGGGAGTGAACCAGTCTCAGACACTTCA CACACACGCACACACACACACACACACACACACACACAGTGATGAGTGCAAAGA GGGAGAGGNCCAATAAACAAGGGGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCG CGGTGGAGCTCCAATTCGCCCTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCGTC GTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACTTAATCGCCTTGCA GCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCNGTAATAGCGAANAGGCCCGNACCGATCGGC CTTTCCAAACAAGNTGCNCAACCTGAATGGNCAATGGAAAATGNAAN

TN553

TN530

TN285

TN202

TNTTTGACTC CTTGGAACTC CCCGCGGTGG CGGCCGCTCT AGAACTAGTG
GATCCCCAC TTGAGTCAAT TCCCTGTGAA TTAACATAAA TGTGGTGATT
CGCCAACATA AGCAGCTGTG TTATGACTGA TGTGAATACA GTGGAAGGGT
CTGGAAAAGC AGATGCACAG CTATGAGCTG CTGCATTGCT GCTAGTCAGG
AGCTGTCAGG AAAAGACTAG AAGCAGGTCC CAGATGGGAA CGCATGTGAA
CACAAAGTAG AGCTTTGCAT GCTCAGCAAA CCTTCTTAAG ATAAATACAA
TTGTGTGTGT GTGTGTGTG GTGTGTTTGA GTGCTGGAGG GGTCTTTCAC
AGTTCCTTGG AATAAGCCTG TTCTTGCGTT GTGAGGGTGC AGCTAAACAT
AAATCATGCA TTAGGCTTTC TTAGAGGAGA ACTTGGTTTC GAACATATCA
GCTTGAATTT CGGACCCGCG TGGGCTGCAG GGAATTCGAT ATCAAGCTTA
TCGATACCCG TCGACCTCGA GGGGGGCCC CGGGTCCCAG CTTTT

TN168

TGNNTTTGACAACCTTGGGTACCGGGCCCCCCCCCCGAGGTCGACGGTATCGATAAGC TTGATATCGAATTCCTGCAGCCCAAAGCGACAGGTGCACGCTCAGCCTCACGCCCAC ACACTCCATATAAGGACACAGGCGCACCGGGCTGTCACAGCAGGAAATCAGGAGGG TTTGAACTGTCAGAGGGGAAAGTGGAAAAGCTTAAACAGTGGAGCTGGAATAGGCT

TN263

TN399

TTTGTGCCAG TGAAGCATGT AGGTGCATGC TTGTGTGTGT CTGTGTGTAT ATCGATGTCT TAGGAGAGAC GTTAATGTCC TGGGAGCAGA CCGTCACTTT GGTGAGAGTA AATATACCTA AAAGCGCCCT GAGAGCAACA GGACTCTTCT CTCACTGACA CAATATTATT CTGCTGTTCT TCACAAGCTC TGGGGAACTC GTACACACAC ACACACACAC ACACACACAC ACATTCTCTC TCTCTATCCC ACCAGGCTTG TTTATGAGTG TGATTACACA GAGAGAGGTC CGGTTGTCCA GCTCACCTGA GAGCGCATCA GGTGCAGTGC CCTGGGGCTT TGTGCCTGTT TGTGTTTGGA CAGTGCTGTG TATTTTTGGA ACGGCACACT TTTTGTGCCT GACAGTGAGT TTTTTGGTTT TGTTTCCTT CTGTTACTGT GTGAAAAAGA GATATAGTGT TTGTTTTAAGG NGTCCCATGT TGGGTTAGAT GCCCCAAACT TCTGGGGTCC TAAAATTCAA CC

TN662

TN215 AGGNNGNNNN NAGNTTATCT TNNATNNGGG GNTTNAAGGN ANCCTTCCCN

TN540

TN128

TN526

TN150

TN209

GNGNNNAGNT	ATTTGTCNCA	AANACNAAAA	ANNNCNCCCC	ANCTGNGAAA
CNCNCTANCN	ATAAGCNGGN	GATCGAATTC	CTGCAGCCCA	CAAAAGCACC
CAGATGTTCA	AACACCGGGG	GGACNCAAAA	ANANTNCACN	CACACACACA
CACACACA	CACACACA	CACACACTGA	CACACAAAAG	GTTTCATTTG
AATTCAAACC	AAATTGACTT	CAGGCAAACA	AAACGTTGCT	GAAATGATAT
TTTGTGTTAG	AATCTAAGAA	TTCAGGAAAT	ATGTTATAAT	GAATGAATTA
TCAGCAGCTT	TGATACTTTC	AGACGNNGTA	TTTGACTCGC	TCTGGTAACT
GAAGCTAACC	TGTGATGCAG	TTTGGTTTGT	TCGCGTGTTG	TNAGTTGCTT
GTGTNGTTTC	TGTTTGCCTT	CCTCCTTGNC	TTGTGTGGGG	GATCCACTAG
TTCTAGAGCG	GCCGCCACCG	CGGNGGAGCT	CCAATTCGCC	CTATAGNGAA
NNCNNANTAC	NCNCGCTCAN	TGGCCCCNCN	NTTTACAANN	NNCNNNACNG
GGAAAANCCC	NNNNNNNAAC	CCCAAACTNA	AANACCNTGC	

TN531

TN535

TN666

TN685

SNPHAL-23:

SNPHAL-45:

SNPHAL-50:

CCCACCTTGGGCGTCACGTTCTTTATACTGCAGGGAGAAGAGGATGGAGAAGTTATTCTGGTCCAACACTACCCCA
TCCAGTGGGATCTGAATTTAGTTTTCTCCTTTTTACCACCAGGATAAACGTGACTTGTACACTGAAGATATGTTAGTTC
TAACTCCCATAACTGTACACACTGGCTGAAAAGGGCAATACTGCTGCATGCCAATCTACAACCTCACACCGCGCCCA
GAAAGAAAGAAAGTTTGTCACGATCACTGTTTTCTCTCCACACTGCCATTTCACGCTCAGCCTGTTTGCCAGCTGAG
GGCTAAATGGAGCGATTTGTGAGAGAAAAACAGCTGAGTCCTCCCCGCCGGTCGACTTGCTGCAGGTGTGGGA
TTTGGGCAATCTGGAATGTATTTTCTAATTAAGGATTATCAACAGCCCAGCGCCTGCTGAGAGCCCCAGTTGGTG
GGGATAGAGGTAGAGGCTCTCTCCATTTTATTCACTCCAAAAAATATCTCAGTGTCACGCTCTCGCGTTCTCTAC
GCTGGTAGCTCAGAGTCTGACCTTCGAGGAGAGCCCAGTGTTGTTGT
TGACTT

SNPHAL-33:

SNPHAL-55:

ACATCAAGTCTTTACCAAATGCCTAATTTTTAACCATAACTTTATAGCAAAACATATACAATAGCCACAAACTTCC AGGCAAAATGTTTGTGGTAATGATACATATTACGCAAGCGCAATTTTTGCTCTTCTATATGCTAACTTTTGTCTCTC

SNPHAL-69:

SNPHAL-70:

SNPHAL-73:

SNPHAL-101:

SNPHAL-106

SNPHAL-113:

SNPHAL-132:

SNPHAL-133:

GTATTATTATTAATCTAAAGCACATTGACATTGTCGTCTAAATCCCAGGAGAAGTATTTCACTAAAATAAAGAACT CTCTAAAGACTCGTCATCTAAATACAAAGATCAATCAGGTTTGAGAGGATAAAGAATTACAAGTCGACAGATGAAAC AATTTGCTCATTTAGGGGGGAAAACAAGTGTTTTTATCCACTTTTCCTTCGTCGAACGTGTTCATAAAAAGGGGAGA AAACTGTCAGCAAAGCACAAACGTCACTTAGCAGACTTGAAGCCAATTTCTACCGGCTATAATAGCAGTACAAA TGCAGTGTCTTGTATTTTCTTTCGTTGAGAATGCTTTAATTGCATATGTAGCTGCAGCGTTATGCTTGAGACTGAAA GAAAGGTTATGATTCCCAATTAGGATGAGGATTAGTTGCCATGGAGACAGCTGCCTCCAGATTCCACAGTAACACA AAACTAATTTACGGAGGCCGGAGCTTGATATAAAAACCAAATTTCATTTTCAAAATGAGGCATCACTTCCCACTCAC ATTGGTACACACGCACCACGTGTATCGCAAAGTTCACTCGCACAGTTCACAT

SNPHAL-47:

SNPHAL-1:

GAACCTGGGAACCACAGTCTATGGAACCAGCCCTGTGACAACATAACTTTGTCCTGATTGGCTGAACACATGAAGATCTTACGTTATATTCTTACACATTCAGAACCACTGCTGCTGCCTATTTTTCTCCAAAGAGGATGAGATGTCTTTAATCTCTACCTGACAATTTTCTATTTACACTTTACAGTTTGAATTTTCAGTCGTTAAAACAGTTTTGTTCAGGAGATTGTTCGTGTGAA

SNPHAL-2:

SNPHAL-3:

SNPHAL-11:

ATCGGAGTAAATGGTCTTCAGAGATACACTCTAAAGCCGAGTGAGAATTTTTTGCGCTTAAACTGCATTCTCAGTT CGATGGAAGCAATAAGGTAGAAATGGTTTTACAGAAGCCTTTTGGACCGAGAGAAACAAGAGCACATATCGTTAGT GTTGACTGCGGAGGACGAGAGAAACCACGAGAGAACCACAGAGGACAATGCAGATTCACGTGACTGTTTGGATGTA AACGACAATGCCCCTGTCTTCGGTAAACAGGTTTACAAAGCAAGTATTACAGAAAACTCCGCAATAGGAACCCTC GTTACTAAAGTCAGTGCTTCAGATGCAGACAAAGGCTCAAACGGCGAGGTTACATACGCCATAGGGAATAGCAT GGATACCGTTTCAAAATTATTTCACATTAATAGTCACGGTGAGGTGATACTAGATGGTGCAATAGACAAA GAAAAACATTATCACATCGACATAGAAGCGGTCGATCAGGGCGGACTCTCAGATTCAAGTAAGATAA

SNPHAL-25:

SNPHAL-76:

SNPHAL-77:

SNPHAL-81:

SNPHAL-82:

SNPHAL-84:

SNPHAL-89:

SNPHAL-104:

SNPHAL-117:

SNPHAL-116:

SNPHAL-121:

SNPHAL-126:

SNPHAL-135:

TGTTGCTCTTGTTTTCCCAAAATATATTCTTATATTCGATGCCCACATTGTGTCTAGAAAATGAACTGCAGCAAATA CTGAGGAGTTTTTAGCCTTTATCCCAAACCCCTAAACACTAATGTGTCCTATTTTTACATCCTCCGTTCTACTTGGC AGGAGATTTTGGCAGTAAAACCAGTTTTTCTGTTAAATATTGAAACTATCAGCTTTTTGGCTGTGCTGGTGCAGCT AAGACAGTCCCTTGGGGAAATAATAAGGAAGAGAGAGGGACAAACTTCCTCCTGCTAAAGTTCACAGACACAGTTTT AATGAGGGTGCATAAAGTGAAATGTAATCACTTTAAACTCGAGCTGGTTTGGTTTGGACTTCACTTCTGTGTCGT GCTTTTTATAACCAACTGCAAAAGGACAACACAGAAGATATTGGTTAAAGTAAAAGTTTCAGTCTGCATAACTAAT TTACCTGACGACTGAGTTTACATTTTCTACAATTTGACAAGTGTTAACAAACTTATAGCAGTTCAACTTTAGTT AGAGCTGTAAAGAGAGAAGATAAGTCAATGGACTCTTTTTGAATAACCTAAG CATCTAAAGTGAACTCGAGTAAACCTAAGCCAATGAT

SNPHAL-137:

TCCTGCTTCTCAGTTGCTTCATTCATAACACATCCTTGACAATTTTAGGATGGTAATCTATGTGTCGCTTGTGTTCAGGGAAGTAGGTTGTCTGATAACGGCTGCGTTATGTTCCAGACTAACCCATAATGGTCTCTCTTCGACTTTCCCTACTGCAGAGCCAGGCCTAGCCTGACTTAGTGTCAGCTGTCTATGACACCACAGCCTCCACTCTGGC

TGTGGACTACTCCTATGCACAGTACCCAAACCAAACTGATGCCACACAGAACTACAGCCAGTACCTCTATCCTTC
TGAGTACACTGCAGACAGCACATGGATCAGCCCTGAGCAACGTAAGGAGAACATTCTCACGCTCTCAGCCTTTT
TAAGCTTAACCAATCTCTAAATGTTAACAGGATCTTTATCAGAGATCAGTCAAACACTCACAGTCTGACTCTTGTT
TTCCCCGTAGCACCCCCTCGTCCTGCAACCCCAGAGAAGTTTAGCATACCCCACCGCTGTGCCCGCTTTGGACC
TGGTGGTCACCTGGTTCAAGTTCTGCCCAATCTCCCC

SNPHAL-138:

SNPHAL-144:

SNPHAL-119:

COD - 2:

COD - 3:

COD-8:

COD-41:

cod-55:

SB1

SB₂

SB3

SB4

SB5

SB6

SB7

SB8

TTGCCAGAGCAGCTTTGCACTCTGAATGTACAACTGATAATATTGGATTTGTATGTTT AGCATTAGAAAATAGTTGCTTTCAAATTATGCATTTGCTCCATAAGACCGCATTAAT AATGGAGCAGGCTGGTATCTGCCATTTGTTCTTTGTTCCTCTTTGAAACGTGACAT CAATTATGTATCACCAAAAAAATTGTGAATTAAATACAATGCATATTTTTCTTTGCAGT CAAAAGAGAAATGTCGATGAAAATTCTTTACGGATATCAGAAGAAATACTAAAT

SB9

SB10

SB12

CACACACACAGTGAGACACGTAATTAATTACAGTAACATATCGTCCAGTAGAAA GGAGTGACTTTTAAGGTTGACTGTTTCAGTTACGTTGTCATGCTGTGGACTTT TCACATTCTTCAGACCTTTCTGTGGAGAGAACCCCCCCCTTCGCAAAGGTGTCAAAA AGATTTTCCCAGCCCGAGGCACATTAAAAATGAAACCAAAGGNGCTCACCCAACTT NCCAATTAGCTGAAAGAAATTTCTTTTGGAAT

SB13

SB14

SB15

AGCTTTNNTNTGTNANNAAAGTTTTGTNCNNGTCNNTCACCNNNAACTNGCGCCGG ANAANNAAAAGGGCCTTNGCTGAAAACNTCNTTATTTTTT

SB16

SB17

SB18

SB19

SB20

SB21

SB22

SB23

SB24

SB25

SB26

SB27

SB28

SB29

TCAGTTCAGCCACAGACTGACTGGCTTTTACAGTTTTACGTGTGGTTTAAGTGTTGTG
TTATTTGTGGTCACTGGCATTTTCTAATTCACATTAAAGAAAATAAAAAAAGTTTTTT

SB30

SB31

SB32

SB33

SB34

SB35

SB36

SB37

SB38

SB39

SB40

SB41

SB42

SB43

SB44

SB45

SB46

TGACTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTTATGTTTTCGGAGCAGTACTGCATCTGGA CTGACGGGCTGTGTGCGCTGCTGGGCAGAGAGATGGGCAGTGACCTGACACGCAGT GACCTAGATACTCTCATCAGCATGGAGATGAAGCTCCGCCTCCTAGACCTTGANAAC ATCACAATCCCAGAAGCCCCGCCCCCCGTGCCGAANGAGCCTAGCTCGTATAACTTC ACTTACAACTACAGCTGAGTGTGTGTGTGTGTGTGT

SB47

SB48

SB49

SB50

AGCTCCACTGCTTATTCTTACTAAAAGTAAGGCTTATGGAATTAAATGGGATTATGA GATTAAATAGAATAACTTGGTTACCGNGTTGNAATGTTTAATTCATTGCTACAGTGA ATTACAATNACCATACCAAGCAGATTCAAAA

SB51

SB52

SB53

SB54

TATTTTAAGAATAAGACTAGAGAAAGTAGTCTAGTGACCAAAATACTTAAGTCTATC TTAAATAACTGAGTTTTCATTGTTAGTAAGCACAACTTTTTTACTTTTTTCTAGTTTTA AGACCCATTACAGTGTGTCAGTGGTTAGA

SB55

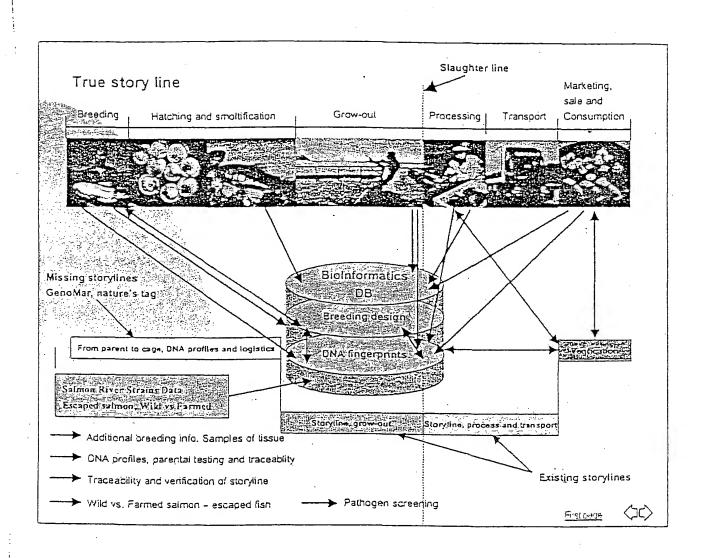
SB56

SB57

SB58

ATGAGACTGACAGAGACTGTGAGGGTGGTGTGTATGTGGTAGAGTTACATGAAGAA CAATAGCCTTATTGTACCTGTCTGCTGCTACTGTCTGTGTTGTGTCGATGCTCTGCAC TGAGCCTATTTGCCTCATTCTTTGTGTAACCGATCACACATTTGTGAATAAAGTTCGA CATTTCTGAGTTATATCATACACTTGTAAGCTCTCTGGTGGCTTAAGTGGTGCANGGT TCCCCANTGTATTGGAACTAANTATCACCAGNGGATGTTTTCTACCAACACTGGCTT CGACTATTATTCAGTATTGCTCTTGCATTTAACACTACATGGGCGAACAT

SB59



LG1

GM299

TGNGTTNTTCCNANNGANCTCTTTGAAGCCCCCCTCGAGGTTNACGGTATC GATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCTGAGGGACGGGCGCGNAC CACACACACACACTTACTCTTACTCTTACTGTAGTGGCGAGGGTGTATTT ACAGAGGGCGAGGGGCGACGGTTGCAACAGTCCAGTTGCGGTCGAGGC ATTGTGGTGGTGGTTGGCGGGCGTCCGAGTCGTTTTGTGCCTCCTCTAAC TCGTCTTCTCCTGGCAGGACTGACAGACCGACAAAGTCACGCAGGAAAG AAGCACGGCTTAGGATGGCGAGTGCGGCGCCAGCCAGGAAGCCGTGGGG GATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCGCGGTGGAGCTCCAATTCGCN CTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCGTTGTTTTACAACGGTC GTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACTTAATCGCCTTTGGAGCAAAA TTCCCCCTTTTNGCCAGGNTGGCGTTAAATAAGCGAAAGAAGACCCCGAAC CGGATTCGNCCCTTTCCNAAAAGGTTGGCCNCAATCCTTGAATNGNCGAAA TGGGAAATTTNTAAGCGTTTAAATATTTTTGGTNAAAAATTCGCN

299U = TAGTGGCGAGGGTGTATTTGA 299L= CGACCGCAACTGGACTG

GM494

GM507

507U= CCTTCCTGCACACACACAAT 507L= GCTGGTGCTGTTCTTGGATT

GM630

T630U= GTTTTGCAGCACATCACCTG
T630L= GCCACAGTGACTTGACCACA

GM452

452U= CCCTCAAAAGTGCAACTACAG 452L= TGAAAGCCACCATTACAAAGT

GM686

686U=TGCTTACAGTGGGTCTTCCTG 686L=TGGGATAGCTGTTTGTTCACC

GM262

262U= AGATGCTGCTGCTATGAAGAT 262L= GCTGCAAAAGAAGAAGACACTCA.

GM641

641U= TGCAGAAGGTTGCAGTGTTT 641L= GTCGGGGCTCTTTGTAATCA

GM373

TTGTNNNCCCTTTGATGCCTTTGNACGCGGCCCGCCGCCGNTCTAGAACTAGTGG ATCCCCCCCAATCAAATTAACCAGAGCAACATGCTGCCACTCAGTTTTTCAT TGACATGCTGCCGTGTCATCGCCTcCTGGAGGGCACCATCTCTAAGGAAACAG CACACACTCATTATTCTAATGAGATTGTAAAAGTTGAAGGAGGAGAAGTTAT ATTAACTCTTCTAGTAGACAAAGACCTCTGTATCTCACGTCATCTCCAGCTAG AAGCCAAGACATTACCTTCTAAATAGAAGCTTCTCTATTAAATTTACTCTG TTGTGCATGCCCTCTGTAAACACATCTGTGGAATAATATTTCACATTTGTCCC CTTTAACATGGAAGTCTAAATGGACTGACGTAGCTCTGGAGCAGGTGCCAAG TGGGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCTTATCGATACCGTCGACCTCGAGG GGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGNTCCCTTTAGTGAGGGTTAATTGCGCGCTT GGCGTAATCATGGTCATAGCTGGTTCCTGGGGTGAAAATGTTATCCGNTCAC AATTTCACACAACATACCGAGCCCGGAAGCNTAAAAGGGGTAAANNCTTGG GGGTGCCTAANGNGGGGNGCTAACTCACANTAATTGGGGGTTGCGCTCACT TGNCCCGTTTTCCAATCGGGAAAACCTNTTGGGGCCAACTTGGATTTAAANG AATTGGCCAACCCCGGGGAGAAGNNTTTCNGANTTGGGCNCTCTTCCT

373U= GGCACCATCTCTAAGGAAA
373L= TAAAGGGGACAAATGTGAAAT

GM619

GM535

535U= AAATGAGCAGCGGGTATCAG 535L= GTTCCGCCATTTGTCTCATC

GM479

LG 2

GM203

203U= GTGGAGCCCAGTGGAGTG 203L= ATTTGGTTCCGGTAGATGGTG

GM551

GM443

443U= CTGCATCCTGTAGGGACTG 443L= CAAGACTTAACACGCTCCACT

GM307

307U= GATCGGGCTGGGGTTTC

307L= AGTCCCGCAGTTCAATGTGTC

GM664

664U= GTGAACTCAGCTCGGACTCA 664L= ACGCAATGGGCTGTAAAAAT

GM650

650U= CTGCCAAAAATTGGCTTGTT 650L= GAAGCAATGACGAGGAAACC

GM578

578U= GGGGCTTGGACACACT 578L= CTGCTGGCAGACATGTTGTT

GM638

638U= CCGTTTTCCCCTCTACTGC

638L= AAGTCCCGGCACTACTTTCC

GM11

11U=GATTCAGTCTGCCGAGTAGT 11L=GAGGCACGTGACTTGAGA

GM419

419U= CTGGTTGCGTGTGCTG 419L= CCTCCTTAGGATGATGATGGT

GM683

TCTTTGATAATTAAGGTGTGATTCTCAGAGAAATAGAATCTTGCATAACCAGA CTTTTCTCTACAACACTTTAAAAGCTTTTTCGGCAGAATTTGTGAACAGAAT GCAAGGATGCCCCTGTTAGATCACATATTATTTTTCGCTCTTTAAAACCATTC AGCAAAAGAACCAAACCCTTACACGTTTCTGCACGATCCAAATCTTCATCAA AACTTGCCATTTGGAGTGTACAGGTTACTAGCTTAAGACAGTCTTATGCCAA CAGTCTACAACTTATCAGTTAGACAAGGTTATTTATATACCCAACAGTTGGCA AGTCAATTATCTGGCAACACCTGCAACACGAAGATGAAACAGTGTTTCAAAC AAATCTGCAAAAATGTCAGTGAAAATTACAGATTACTAAAGGGGTGCGCGCA

683U=TTATCTGGCAACACCTGCAA 683L= TGTGATGCTTTCCATTTTGG

GM143

143U=ACGCTTCACTGATGACATTTC 143L=CCCTGATAAGGATGAGCAGA

GM210

210U= GAACAGCCTAGATTCAAACAG 210L= CGTGCTGATGATGGTGT

LG3

GM21

21U=CTGGCTGTGCACAACA 21L=TTTGTAAGCAGTCAACACATT

GM6

6U= TCGGGTTGTGCTCCTTAG 6L= AGCCAACAACTATTCTGCTGT

Opsin-Blue

GM636

636U= AACTCTGAGCCTGTCGCTTC 636L= GGCAGCAGTTTGTTTCACCT

GM264

AGNNNNNTNNANTTTNTNTTTTGACANGNNAGCTTATGGAACACTCGGTGGNTTCCGCTCTAGAACTAGTGGATCCCCCATCGAGAAAACACGGCTCGGGCAAagCCAGAGCAGACAGAAGATTTAATAAGAaGtGGTAGCTTTAGGCGTGTAT

264U= GCAGATGGCTAAGAACCTC 264L= TTTAATGCTCCAGTGAGTGAT

GM17

17U= CCCTCTGTTTCCATCTCA
17L= GATACCTGTCCATACCTCCTC

GM537

537U= ATCAGATTGGATGGGAGGTG 537L= AATATGAAATGCGCATGTGTG

CSki

GM544

GM12

12U= CCATTGGGTGTTCAAATAAA 12L= GGCTAACAGGGCACTTCTTA

LG4

GM655

655U= CCGACAGTCAGCTCAGATCA 655L= AACCCTGTTGGCTGTCTCAC

GM52

52U=CAAAGCCGAGAACTGGATT 52L=TGGATGAGACCCCCTAAATAC

GM546

GM167

167U=CGCAGATTCCACAGAACA 167L=CCGGTATTTGTATCACTCCAT

GM380

380U=CGCTCGTTACAGTCAAAACC 380L=ATACAGGAAGGAGACGCATTC

GM342

342U=TCAATCCTCTGTCACCCATAG 342L=AAAGCCAAAACCAGCACA

GM188

188U=GTGGTCCAAATGGCTGAC 188L=CGCTTTTCTGCTTATGTGTTC

GM53

53U=CAATCCTTCGGGCTAAAC 53L=TTCTAAGATGTTGGCTTTTCC

GM37

37U=GGGGCAGAGGACATCAA 37L=CAACACTGTCGAGCAAATACC

UVOPS

GM241

ANGTGGTTTTTTTTNNNNNTTNNNNNTTTGANGGCCTTTNANGCGGCCCGGC CGCTCTAGAACTAGTGGATCCCCCACAATAAACATTATCCACACACCTTAAA ACACACACACACACACACACAGGCTCTGAAACCATCAGTCCAACCCAGAA GTTTTTCTTTGTTGATTTATATGTTTTATACTGGAAAAAACTATCAGAGAAGT ATGCATGTCCCTAGGGAGACCTCCAGAGACAGGCTGTTTTTCATGACACTTTT TCCCACCCATCGGAGCAGTAACAGACAAACAACCTTTTCTTGGAAAAAAGGT TGATACTGTTCCTTGCCAGGTTAGTCAATTTCAACCCTAGTCAGCTATGTGTG TGTAAAGGTGGATGCACAACAACCAATTACAGAGGAAAGAATTTAGTCTCTG TGCTCAAAGTTATTTGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCTTATCGATACCGT CGACCTCGAGGGGGCCCGGTACCCAGTTTTGGTTCCTTTTAGTGANGGGT NAATGCGCCCTTNGCGTAATCATGGGCATAGCTGGTTNCCTGNGGGAAAATG GTATNCGGTTACAATTCCACAACATTTCGNGCCCGGAAGCNNAAAGNNGNAA ACCTGGGGGTGNTAAATGAGGGANCTTACCNACATAAATNGGGTTGGGCTNA CTGGGCCGNTTTTCAGTGGGAACCTNTCGTGCCACTTGATTAATGAATCGGCC AACNCNCGGGANAGGGCGTTTGCCCTATGGNGGCTTTTCGCTTCTGCT

241U= ACAATAAACATTATCCACACA 241L= GACTAGGGTTGAAATTGACT

GM317

317U= TTATTTCCTTCTTGGCTGTAG
317L= TAAGTTTGGGACAACCTGTA

GM111

111U=GTGAGCAGATGGTGGATTACT 111L=GGAAGCACAGACTGGTGTT

GM637

637U= GCTGCCGTAGTGTAGATCAG 637L= TGCCTTGGATCTGAGTAAACA

LG 5

GM371

TTTACCTCCCTTTGAAAGCCCCCCCCCCGAGGTCGACGGTATCGATAAGCTT GATATCGAATTCCTGCAGCCCATCGCAGCTGCCTTTATAAGCGATATTGCAA TGGGACATTTGCTTCTCGCACGAACATTATCCAACGATTTCCCCCTGAAGGC TTGGCATGTTCAATTTGAGACGCAGCCTAAAATACCAGGCAGCGCATCTCA CACCCTGGCATGTGGTGGTGTCACTCCTGTTCATCACTCAGTTCCCGTTAGA

371U=GGAGCGAGATGGGTTTG 371L=GCTGCGTCTGTTTACTACACA

GM489

GM462

TGNNNTTTGAANNNCTNTGAATGGCCCTTNCCGCGGTGNCGGCCGCTCTAG AACTAGTGGATCCCCCACATGTAGTTAGTTTCCTTTTACACTGCTCCGTGTG TGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCGTGCAGTGATGTGTAGTGCTTTTGT CCTGTCCATGGTCCTACTGTGAAACAGACTCTTTAACTTTTCAAGCAGTGAA TGTTTTTTGACTCAAGGTTGTGTGACTTTCACCTGATGTATGCTGTTAGATT TCCCACTCTCAGTAACCCGTGGACTTGAAGCATTATCAATGATAAGGAATA ATTCAAGTTATTCCAGGTGTCCCCAACCTCAAAGGGTCACTATAGTTAATCA ACAGTATAGAAAAAAAACACATCAGTGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCT TATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGNTCC CTTTAGTGAGGGTTAATTGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGNTTC CTGTGTGAAAATGNTATCCGCTCACAATTNCACACACATACGAACCGGAAG CATAAAGTGTAAAACCTGGGGTGCCTAAAGAGGGGAGCTAACTCACANTAAA TGCCGTTGCGCTCACTGGCCCNTTTTCANNCGGGAAANCTGTNGNGCCACT GCATTAATNAATCGGCCAACGCNCCGGGAAAAGCCGTTGCNTATTTGGGCG CTNTTCCNTTNCTTGGTAATGACTCNNTTNGCTTNGGCNGTTCGGNTTNGGN NAACCGGNATNAGNTTACTCAAAGGGGGGNAN

462U=AGTTTCCTTTTACACTGCTCC 462L=TCCACGGGTTACTGAAGA

GM287

ACCTGCTCCAGCCTTCACACAGCACTNCGACTGACCGAGCAGACCAATCAG CACCTNCACATACTCTCACATGACCTTTCATCGCTTTAGCTGAAGCCNNCAG TGCACAGGCACTAATCTACCTTTGCCTCTAAAACACACGAGGGCTN

287U=TAGTGCCATCTCCATAAACAC 287L=GTCTCCGTCGCTTCATT

GM634

634U= CTGAAACATGACTGCAGGAG 634L= CCCGACATTAAACTTTCAGCA

YPAX9

GM112

112U= CCGATATTCATCACGTTTAAC 112L= ATCCCGCTAACAGACTCA

GM222

TCATAATCACACCGGGCTTNCAGCTAGCAACCTTAACTAGCAGCATATCTGC TAGCATCGCCAAGAAGGGGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACC GCGGTGGAGCTCCAATTCGCCTATAGGGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTG GGCCGTNTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACC

222U=AACGGTGACATCTTCGCAACT 222L=GATTTGGCTATCTGGCGTGTG

GM469

469U=ATGCCAAATGAGCCTGTT 469L=CCCGGTGTGATTATGAGTAAA

GM320

320U=AGACAGCCATGCCAAGT 320L=TTTCTGACCCATTAAAACTGA

GM124

TCTGTTATAAAAAGTGCATTAAACACAAAGATCTTCTTACTTTACCCACAGA AAGATAAAGTTGATGCCGTTTTATGAACCCTGNGNGGATATAAAGAGCCCAC TATTGGGAANTATGGACAGNGCTNCTNTCCATGG

124U=TCATATTCTGATGGAGTGGG 124L=GTATCTGGGCAGTCATTTTCT

LG6

GM420

GM223

TTNACTTTAATTCCCTTTTGAACGCGGCCGCNGCCGTTCTAGAACTAGTGG NTCCCCCACAAATCTCTCCAGCCTGTAAGAACAAACAATGCAGTCTTATC AGGGATCTCTTATTTGTTTACACACacaaATCAgAGCCGACTGGTGGAAAGTTC CTGCGCTTTTGTTTATCTCGGCTAACTGAGGGCAGAAGAACAGGACGGTCC GTGTGTGCGCGTATGTGTGTGCTGAACTCTTTACATTTCTTTTCTTTTCAGG AAGACTTGCAGCAGTTGATACTCATGCCTCTCCCAAATGTTGCCATTCTGGG ACCTGTGTAAAAGCAGCAGGATTTACGCTGGAATTTTAGTTCTGCTGAGCCA AATAAGACAGGTCAGGGTGAAGAAGGCCACAGCCAAATAAAAGCCTACCACA AAACGGAAANGTTATGACAAATCANACTATGAGGCAAAAAAGAAAGCTCAGC TTTTTTGGTTTCATGGACAAAAGAATTTATGTGGCTGGAATATGACGAGCTA AATAACATAATGTTCTGCCGGGTGTGTNGTGAGTTTCNTTTNATTTGAGTCG ACAAGCGCCTTTTGTNACTGGGACCAGTTATTTNGNAGAAANACCCCATTAG AACCCATGAGNANATCAAGAAAGCATTATTTGCCCANNTCTGCNATATCTTT TCCCAGAACAANACANGCATTTGCAAAAANATTAACCNNGCNGNAACCCNA AGTCCCTGAAAAATNTTTTAAAAGCGGGGGCTNC

223U=GTTTATCTCGGCTAACTGAGG 223L=GTCCCAGAATGGCAACA

GM16

16U=TTGGGGGAGGCTTTATTGTA 16L=GCCCACATGGTTCTAAGACA

GM198

198U=TCGGGTCAAGCCAAAAC 198L=ACTGCTCCCCACTGTAATCAT

GM435

435U=GAGGTGGGTGCTGAGGT 435L=GAGTAAGCTGCTGGAGGAGTT

GM558

558U=TTGGCAGATTTTGCTTATTGG 558L=CATGTTTGATTTGGCAAAGG

GM166

166U=TGTGAGGCGTGTAATGCTAAA 166L=AAGAGCGGTGGGTGGAC

LG7

JTSRAS

GM65

65U=CCTCCATCAGGATAAAGAGAA 65L=ACTCCTCGACCTCCACC

GM685

685U=ACTGCCTCCTACCCACCAA 685L=GCAAGGCTTGTTTCCATAGC

GM25

25U=GCTGCTGTGTGGCTCTGTG 25L=AACACGACGTGATGTGGAAGA

GM407

407U=GGCTCGTCCATCTCGT 407L=CTTGGCTCTTTGTTGGTTATT

GM369

369U=TGCATTCATCCCATCACC 369L=TTTAACGAGTCTGGCATCTGA

GM235

TTNNAATCCCTTTGCAATNGCCCTTNCGGTCNACGGTATCGATCNGCTTGAT ATCGAATTNCTGCAGCCCACTAGGAAATCATTTGTGCCCTTTGTATTGTTTAT TTATGCACTCTAGTtGGCGtaGGCAAACAGAAATGGTCCGCAATATATGCTCC ACACACACACACACACACACAGGGGGGTTTATGGAAGCAAGTGGTGACA CGCTGTGGACAGGTTTCGAGAGGTTTAGCGACATGTGTGGTCTAAAGTTAG CCTCCTCCAGCTGTCTCCATCTCATCCCCTGACCTGAGCTGCTGTCAGG GGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCGCGGTGGAGCTCCAAT TCGCCCTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCGTNGTTTTACAA CNTCGTGACTGGGNAAAACCCTGGCGTTACCCAACTTAATCNCCTTGCAGC ACATCCCCCTTTNGNCAGNTTGGCGTNATANCGAAGAGGCCCNGCACCGAT CGCCCTTCCAAAANGTTGCNCAANCTGAANGGCGAAATGGGAANTTGTTAG CNGTTAAANATTTTNGTNNAAAATTCCCNGTTAAAATTTTTNGTTANAANNAN CCTCAATTTTTTTAACCAATTTGGGCTAAAAATCCGGCAAAAANTNCCTTTT TTAAATNNAANANGAATTTNTACCCAGAATNGGGGGTTNNANNGGTTTTCNT CCG

235U=TGCCCTTTGT ATTGTTTATTT 235L=CACAGCGTGTCACCACT

GM346

346U=ATCCCCGAGCTTCTATTGTGT 346L=GGCGGCAACTGTGTGA

GM504

504U=TCTCAGCTTTGACGTGCATC 504L=GCTGCCCTCAAGCATATTTT

GM689

689U=TTCGCCTTCTTCCCTTCTCT 689L=TTAGTGTGGCTCCATCATGC

GM45

45U=CCAATGAAAAGAGCAGGAGA 45L=CTTGGCAGGTTTAGAGTGGAG

GM377

AANTTTGANTGCCCTTTNANCGCGGCCGTGGNCGNTCTAGAACTAGTGGATC CCCCACGCACCAGCAGCAATACTCAAACGTCCCGTATCTTCCGAGGAAAGGG GCAGTGACGAAAGCGCAGTGATAAGAACACGTCCCTTTCACCTAAGTCACAA AATATTACCATGTGTTGCAACTCCATATATACTCTTTTCTTCTTTTATCATTCA TTTGTTACACAAATCTGCTATCTGTGTCCCTGTGTGCAGCCTACAAAAAACAT GTTTCAGCTCCTTTTTTTTAATTCTGTGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCT TATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGTTCCCTT TAGTGAGGGTTAATTGCGCGCTTGGGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTTCCTG TGTGAAATTGTTATCCGCTCACAATTCCACACAACATACGAGCCGGAAGCAT AAAGTGTAAAGCCTGGGGTGCCTAATGAAGTGAGCTAACTCACATTAATTGC GTTGCGCTCACTGGCCGCTTTCCAGTCGGGAAACCTGTNGTGCCAGCTTGCAT TAATGGAATCGGGCAACGCCCCGGNGAGAAGGCCGGTTTGCCGTATTTGGGC CGCTTTTTCCGCTTTCTTNGNTTACTGACTTCGGTTGNGCTTCGGGTCGTTCGG NTGCCGGNAACCGGTNTTNGGNTTAACTTCAAAGGGCGGGAAATTCCGGTTN TCCNCAGAATTCAGGGGGN

377U=ACCAGCAGCAATACTCAAAC
377L=ACAGGGACACAGATAGCAGAT

GM284

GAGAGGNNNNNGGNGNNNNNNNNNNTTATCTNTGACATATGATCTNNNTGAA ACCCCCTCGAGTTTANGGAATCGATCNCTTGNNNCGAATTCCTGCAGCCC ACAGTTGCTCCTCTGCATTGTCCCGAATGGAAACCAAGACAGTAGCAGtctttA GTTTATAGGATtttcCTGACGTTCAAGGTGTCAATATGACAGACTGATGATAAAC AGAAAATATGTAGCATTTTCTTGTCCGCAGCCGGTTTCCAGTGAGAAGACA ATGACAACATGACGAGCTGATTGTAAGAGGTTAGCTCAGCAAGCCTCCACC TGAAAAAGGGTATGAATCAAAGCTGCGGCGTCCTCGNGGGGGATCCACTAN TTNTANAGCGGNCGCCACCGCNGTGGAGCTCCAATTCNCCCTATANNGANN NNNNATNACNCNCTCACTGGCCCNNNNTTTACAANNNNNNGACTGGGAA AAACCTTGGNGTACCCCAACTTNAACNCCCTTNCANAANAATCCCCTTTTCC CAANTTGGNNNANTANCCAAAAAGGCCCCAACCCNATCGCCCTTTCCAAAN AANNTNNCNCAACCNTNAANTGNNAAANNGGAAAANTNTNAACCNNNAAAA ATTTNNNNNTAAAAANNNCNNNNANAAAATTNNNNNTAAAANNANNNNNNAT TTTTTAACCCAANNNNCCAAATNNGNNAAAAACCCTNNNAAANCAAAANAA **ANNNCCC**

284U=AGCCGGTTTCCAGTGAGAA 284L=CGCAGCTTTGATTCATACCCT

GM404

ACCTGTACGGATGGGTGAATGGGTGAATGAGGCATGTTGGATAAATCA CTTTGAGTGTTCCAGTAGAGCAGATAAGCCCTATATTAGAACCCGCCCAT TCACCATATTCACAATGAAAATGTATCTGTAATATCTCATATGACTCACC CTACAGTCCTCAGACACACAGACATATGTCAGGTTAACAGGCAGTTCTGC

404U= AGTAGAGCAGATAAGCCCTAT 404L= GCCATGTCTCAATCATACA

GM629

629U= TCAGGTGTGTGGAAGCAGAA 629L= ACGGTGGAGGCATCTGAAAT

GM18

TTNNNNTTNNNNNCTNTGTNAAGCTCCCTTTNGGAGTCCCCCCCGAGGTT NGACGGTATCGATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCACATGGCACAC ACACTCACACAAATACACAAATCGATAGACAGACACAGATGCCAACACACTT ATACATAGATCCACAACGCACATATACACCCGGCTTTTGATTACCTCCCACC TITATTTCTTCTTAGCATCCTTTCCCTTGTGCCCCCCCCCAATCCGACCCTAT CCATATCCCGTTGTTTGTCCTCCTCCCCCCCTCTACCTTACCCCTCATTG ACCCTAACCTGTCAGGTAACATCAGAGAAGGGGGAGAGTTGAAGAGACGTGA CTCTGCTGTGCTGGAACACAACGAGCTCCAGCCCTCACCTTTGTTAAGGA TCAGACCTGTTTGGAGAGTGCTGGAGAACCTCCAACAGTCAGAGGGAGTGA AGACACGCTGAGGAAAGGAGATATTAGAGAANAAGTTNTCGAGAGGGAAGT TCTGATAATCAATAGGCGCCGGAGAGTTGAAGTTGGAAGAAGAAGAAAAACA AAGGCAGGAAAAANGGAAAGAAAGCCGTTAAATAGGGANGGGGGGGGG ATNCCACTTANGTTTNTAGAAGCCGGGCGACANCNGNNGGNGGANCTTNCA AATTCGNCCTTANANGGGGAGNCCGTTTTACCNCGCCCCTCCTNGG

18U=ACAGCGTAGGTTGAGGTAAA 18L=TCTTCGCTCTGGTCCAA

LG8

GM139

139U=GTGGGATCTACCAAGAAGAG 139L=TTTGAGTAACCACCCTAACAC

GM354

354U=CGGGAGAGCAGGTCAG 354L=CACGTTCAGGGTTACTGTGTT

GM271

271U=GCAGCTGGATCAGTCTCTG 271L=TGGGAAGTCGTTCATACAAAG

GM180

180U=CGGCGGCGACTTGTAGTGTAA 180L=GGACGGTCTGGCGAGGAC

GM293

TGNTTTGANTGCNTTTGACCGCGGNGGCGGCCGNTCTAGAACTAGTGGATC CCCCAAAGCTTTGGAGGTTCCTCAAGCCTTAAAAAAAGCCACCAGTTTTCAC TCTAAAGATGCTTCTCCTACTACCGCTGTTCTGTCCAGGTCAAGGAAGTTTG AGTCCCACCTCTCCCATCGTCCTGGAGAGGCCAGAGAGCCTCAACACTGTC CACACACACACACACACACACACACACAAAAATCAGCTATTAATAAAC CGTCTGCATGCTTCATAATTACAGACAATGCTCAGAGAAGTGTGTGATGAAC AACTACTTCGGCATCGGGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCTTATCGATA CCGTCGACCTCGAGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGTTCCCTTTAGTGA GGGTTAATTGCGCGCTTGGGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTTCCTGTGTG AAATTGTTATCCGCTCACAATTCCACACACATACGAGCCGGAAGCATAAAG TGTAAAGCCTGGGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACTCACATTAATTTGGCG TTGCGCTCACTGGNCCGCTTTTCANGTCNGGGAAACCCTGGTCGTGCCCAG CTGGCANTTAAANGNAATTNGGCCAACGCCCGGGGAGAAGGCCNGTTTGG CGTATTTGGGCGCTNTTTCCGCTTTCTTGGGTTAACTGACTTGGNTGGCTTG GGGCCGTTCGGNTTGNGGGNANCC

293U=CGCTGTTCTGTCCAGGTC 293L=GCCGAAGTAGTTGTTCATCAC

CLC5

GM213

213U=TTTTATTCTGACAGGCACA 213L=AAAATCAAAGTTTAACATCCC

GM505

505U=TGAAAGACAGGAGGTGTGGA 505L=CGCCCACACCTGAGTATGAT

GM635

635U= GTGCACTCTGGTCTCTGGTG 635L= CTGTCCATGCCTGAAACAGA

GM24

24U=GTGATTCCTCCCCAACAGTAA 24L=AGCCATGACAGGATTTTGA

GM150

150U=GTCTCAGTTTGTTTGGCTTAC 150L=AGGTGATTGGCTTAGATGAT

LG9

GM31

31U=ACCGTTTTATCCACAAGTGAC 31L=CAGGAGCAGAGAAGGAACA

IGF2

GM601

601U=TGAGCTCTGCTTCTCCAGTG 601L=CAGTCAGCGTGGAGTGTCTG

GM119

119U=AATTTCTCGTATTTCATGCTA 119L=TCCTTACATTCCTCTGACC

GM431

TCTTGTTNNATCNCTTGGACACCCGCCCCTTTNGAGGNCGACNGTATCGAT AAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCcAGagGGAGGGAGGGACAGGTCAG TGGGGttcATTcCATCCGGcAAACCTCAAACAGACACATGCACACACACACA

431U=GTCAGTGGGGTTCATTTC 431L=AGGCAGACAGAGACATTTAGA

GM672

672U= GCCTGACCTTCAGTTTTCTC 672L= GAACAGCTAGCCACCCAAAG

GM227

227U=ATGAGATGATGAGGGGAGG

227L=GCAGTGACAAGCTGGTAGTGT

GM76

76U=CGGTGATGAAGCACAAC 76L=AGCTAAACTTAAGGTAATGCC

GM336

336U=GCACCAGGAAGCAACTCA 336L=CGGCTGTGGCTATAAATAACA

GM141

141U=TCTGCCACAGAGATGACATTC

141L=AGCTGTGGGGAAAAAGAAAG

GM570

GM389

389U=GTTACTTAGGTCTTGGCATTG 389L=GCTACCAGGGATTTTGAA

GM318

318U=TAAACATAACAGAGCGAATGCTA 318L=CGTTGGTGGAAAAAGGTC

GM387

387U=CCCCTTGTTTGTGTTTTTGA 387L=CCAGATGAACCTTTGCCTAAT

GM75

75U=ACCAGCAACTGCACTAATTCT 75L=CAGCTGGCTTTTCCACA

GM281

281U=CCCCAAGCCATCAGACT
281L=AAAACGAAACAAAGACACCAC

GM161

GGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATTGCGCGCT TGGCGTAATCATGGTCATAGCTGNTTCCTGTGTGAAATTGTTATCCGCTCAC AATTCCACACAACATACGAGCCGGAAGCATAAAAGTGTAAACNTNGGGTGC TAATGAGTGAGCTACTCCATTANTTGCGTTCGCTCCN

161U=ATGACAAAAGACAGGATCAGT 161L=TCCCCTCTTCATTCCTCT

GM26

26U=TGCAAACTTTCAGTCACTGTC 26L=GATTTTGACCACCTTCTGTTG

GM607

607U=CCGACCAGCAGACAGTGAC 607L=AAGGATGGGACTGGGTAAGG

GM565

565U=GGTTGGATGCCTATGATGTG 565L=AGCCTCTGTGTTCAGCTTGG

GM643

643U=TTGGACAACAATGGGATGAA 643L=AAGATCAGCCCTGACACGTT

GM361

361U=CCGGTTTCTTGGAGTTTTC 361L=CCCCTAGAATTTTCACTGGAT

GM442

TTGCGCCACCTGGATGNCCNATGGGAATTGTAAGCCNTAATATTTTTGNTAA

442U=AGTTTCCTTTTACACTGCTCC 442L=CAGCATACATCAGGTGAAAGT

GM114

114U=GCCTATTGAGCCTTGTGAGA 114L=GTTTAACCCCACTATCCCTTC

GM165

TTGNTNTCCNNTGTGATCTTCNNTGGAAACNCCCGCCCCCTTTCGAGGTCG
ACNGTATCGATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCTcTGGGAAGTTT
CTCCGCATTCCTGCAATaGATTCAGAACACACCCAAAAAATTAATAGACA
GGAAGCTGGAAGGAACCTGAAGCTGAGGCTGGGTAAGTGTGCCAGGCTG
AGAGTGTGCTGCTCTTTTTCACAACAGCTCATCAGTTGTTGCCTTCATGTCC
ACTGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCCAGGGGGCT
ACTGCTGTAGGACTCATCCTCTGTTTCATCGCTGAATGCTTCTCTGTCACT
TTCCCCGCCTGCACAAACATAACTCAGTCACAGGAAGTGCTCTACCGCTTTC
AGTTACGTCCTCACTAAAGCGTATCTCTTGGTCATTGTGTCTTCAAGTGCAG
ATACAGTGAAAACAGAGGAAGCTATTTTTCTTTAAGTGTTGTTAAGAGCTGAA
ATAACCACAGCTTCCACCCAAGAAAATGCAGCATTTGTAGGGAAGGTTCGTA
TTTTAAAGTGTTCA

165U=CTCATCAGTTGTTGCCTTCAT 165L=CGGTAGAGCACTTCCTGTG

GM189

GTGTGTGTAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATGCATTTAATACATATCTTAATATA GGAAAAGGAAGTGAAATTTCAAGAGCACATCTGAGTTTTTCCACATGATAAA GAAATCTTTCAGCGTGACTTGGGCTTAAAGTCTAAGAAATTAAATGTGTAAAA TTACAGAAAAAATTCTGGTAGCTCATTGTCTCATGGTCCTGAAATTTTCTGTTA ATTTAGAAAATGGGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGNCACCGCGG TGGAGCTCAATTCGCCCCTATAGNGAGTCCGTATTACGCNCGCTNACTGGC CCGNCGTTTTACAACCNTNNNNGACTGGGAAAACCCC

189U=GCAACATAACAGAAGGAGCAG 189L=CCCAAGTCACGCTGAAAG

GM488

GM513

513U=ATTACACTTCCTGCCCACCA 513L=TTGGAATTGGTCATCCAACA

GM572

GM178

178U=TGGGGCACCTGGAACTG 178L=GCTGGAACCAAAGGCTAAACA

GM208

208U=AGCTAGTGTCCCAGTGAAA 208L=ATTAGAAAGGCAGATCAAAAG

GM462

TGNNTTTGAANNCTNTGAATGGCCCTTNCCGCGGTGNCGGCCGCTCTAG AACTAGTGGATCCCCCACATGTAGTTAGTTTCCTTTTACACTGCTCCGTGTG TGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCGTGTGCAGTGATGTGTAGTGCTTTTGT CCTGTCCATGGTCCTACTGTGAAACAGACTCTTTAACTTTTCAAGCAGTGAA TGTTTTTTGACTCAAGGTTGTGTGACTTTCACCTGATGTATGCTGTTAGATT TCCCACTCTTCAGTAACCCGTGGACTTGAAGCATTATCAATGATAAGGAATA ATTCAAGTTATTCCAGGTGTCCCCAACCTCAAAGGGTCACTATAGTTAATCA ACAGTATAGAAAAAAAACACATCAGTGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCT TATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGNTCC CTTTAGTGAGGGTTAATTGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGNTTC CTGTGTGAAAATGNTATCCGCTCACAATTNCACACACATACGAACCGGAAG CATAAAGTGTAAAACCTGGGGTGCCTAAAGAGGGGAGCTAACTCACANTAAA TGCCGTTGCGCTCACTGGCCCNTTTTCANNCGGGAAANCTGTNGNGCCACT GCATTAATNAATCGGCCAACGCNCCGGGAAAAGCCGTTGCNTATTTGGGCG CTNTTCCNTTNCTTGGTAATGACTCNNTTNGCTTNGGCNGTTCGGNTTNGGN NAACCGGNATNAGNTTACTCAAAGGGGGGNAN

462U=AGTTTCCTTTTACACTGCTCC 462L=TCCACGGGTTACTGAAGA

GM₂

2U=GCGGCTTATCCCTCTGTA

2L=TAAACCCCATAATCACTCCAG

YWT1_1

LG 10

GM459

459U=CGGCACATACATCTACTACCT 459L=TCACCATCAACGCTGAA

GM549

GM614

614U=AAGAGGCAGGTTAGCACCAC 614L=AGGGAAAGCATTATGCCAAT

GM10

CTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCCGTCGTTTTACAACGGTCGTNGACTGGGAAAACCCTG

10U=CTTGTTTCTTTCTTGGCTCT 10L=CTCAGGGGTGACATTTATCA

GM573

GM105

105U=GCAGAGACACCAGCACCAG 105L=TTATAGGAGGCGTTCCAGAGC

GM258

TTGGTTGTNANANCCCTTTGGAAAGCCCCCCCTCGAGGTCGACGGTATCGA TNAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCGAGCGGTTGATGGCGadGATC TCAGAGTAGACGTcAGAGGATTCTGGGtAATTTTNCAcCACCAGGTTACAGGT GTGATGAAGCAGAGACTGACGGTGGACCGTGTCCTTCACCTCCACCACTTT ACACACACACACACTCACTCAGAGGACGACGTTCGATCTCCGCCTGA AATCTCTAATCTTGACTCCTTATTTAGAGGAATAACAAACTGGGGGGGATCC ACTAGTTCTAGAGCGGNCGCCACCGCGGTGGAGCTCCAATTCGCCCTATAG TGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTG GGAAAACCTGGCGTTACCCANCTTAATCGCCTTGCAGCACATTCCCCTTTN GCCAGCTGGGCGTAAATNNCGAAGAAGGCCNNCACCGGATCGCCCTTTCN AACAGTTTGCNCACNCTGAATGGCGAATGGGAAATTGTAAGCCGTTAATATT TTNNTAAAAATTCNCGTTTAAANTTTTTTGNTANAANCNGCTTCATTTTTTAAC CCATTAGGCCNAAAATCGGGNAAATTCCCTTTATAAATNAAAAAGGAATAGA NCCGANATAANGGNTTGANGTGGTTGGTTCNNNTTTGGANG

258U=CCTTCACCTCCACCACTTTCT 258L=AGATCGAACGTCGTCCTCTG

201U=TATTCAGGCTCTTCTTTTGCT 201L=CAGAATGAACTCCCTCCAG

GM148

148U=TAAGGAATAAAGGCAGACACA 148L=GGTCGAGGGCTTAAAATG

GM41

41U=CCAGGACCGATGTGAACTTTG 41L=TGGTGTTGCAGCTACACGAGA

GM314

314U= TAAGGTGGAAGTCATGTTAGA 314L= CTCACCCATAAACTACCATC

GM231

231U=CATCTGTGTTTTAACCATAGA 231L=TTGGCGCTAATAAGAATA

GM575

GM633

633U=GTGTCCCAAGAAAACCAGGA 633L=GACCCAGGACTCATGTGCTT

LG 11

GM70

CTNTGANTNCTTTGGCCTTTCCANACNCCTTTCGGGGTTTTGGAGNCCGAC NGTATCGATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGNCCCTTTTTCTCCCCGAGA

70U=CCCTGTGCCAGAATCCAT 70L=GGCAAACAGGGTAAATGAGAG

GM367

367U=ATCCCCCTTTATTCCATTTTT
367L=GGAGGGGTGGTAGGAGAA

GM85

85U=CATGAAAACGATGCACCTG 85L=TAGCATGAGGGGTCTAGCCTA

GM276

276U=CGCAGGAGGCTTTACCACA 276L=TCAAGTTGCGTCTCTGTCACC

GM40

40U=GCCACAACTGAAAAACTGAAA 40L=GGGCAACATGACAGGAAA

GM30

TATTATATTAAAGATGTCATTAAAAAATACAATCCAAACATTATGGAACGACC CCATTACATTCAGGGGG

30U=AGACAGCGCAATGTTAAGAAA 30L=AGGATGAGGCTGATGCTC

GM658

658U=TGCGCTTGTTAATTGAATCG 658L=TCCTGCTTTGGCTTTACAGA

GM665

665U=TAGTTGGTCCCTGGTTGCTT 665L=CAGTGTTTGTTAGGTTCTGCTTG

GM366

366U=GGATTAACCTGTGCTATGGA 366L=ACTACAGGGAGTGTGAGTGTG

339U=GCCTCAGCCTCACCTCTT
339L=CTCTCCAAATACGCCCTTATG

GM273

273U=TACTAACCAGCAGGGCATAAA 273L=CTCTCCCTGTTCCTGTCACT

GM608

608U=TTTTGCATGCCGTGTTTCTA 608L=GCAGCTCAGTCCCTCATCAC

72U=CCGAGTGTTTTTGGTTCATT 72L=GTAGTCTTGGGTCCACCTTCT

GM90

90U=ATGTAATCAGTGCCACAATAG 90L=TTACTCAGCGTGTTGACAG

GM353

353U=GGCGAGGAGGAAGAGA 353L=ACTGGATGCAAATCATTAGAC

GM237

TTTGAATGCCCTTCCANGCCCCCCCCCCGAGGTCGACGGTATCGATAAGCTT GATATCGAATTCCTGCAGCCCACATTATCCAATGCACAGGTGTGGAAAAAGA GCAGCAATGTGCACAGACacTGATGATGTTACACTGTCAGTAAAAACATCAG TAGGCTTAACTCTGAAGGAACACTGACACAGCAAAATTGCATCAGTGTTAAT CACACACACTCTTTTAATGCCATCAGTGGTTGCTGCACATCTTCTGCAGGTA TGCTGTGATAGCTTTACAGCAATCACAGCAGCAGACAGTGACTCCACTGCT GTTCGTGCAGATATGCAAAACTAAAGCCTCGGTCAACAGGCACATGTGAAC ACCTGCTCTTAGCTCAGCTCTGCTCTCTGCTGCATGTGAAGGGTCAGTNGG TGTGAACATGTGGTGCTTGTGGGGGGGGGGGGGGATCCACTATTTTCTAGAAG CGGGNCGNCCCCGGGGGTGGAGCTCCAATTCGCCCTNTAGGGGAGTTCGT ATTACGCGCGCTNACTGGGCGGGNGTTTACAACGGTCGTGACTGGGAAAA CCTTGGCGTTACCCCAANTTAANTCGCCTTTNAGCAAANTCCCCCTTTTTGC CAGNNTGGGGTAATNGCGNAANAGGCCCCCT

237U=TTAATCCCATCTTAATCACAA 237L=CTGAGCTAAGAGCAGGTG

GM103

103U=CCCAGAGCTTTCATTACC 103L=CCACCAATATAGAGTTTAGCC

LG 12

GM440

440U=TGGGAGATTAACAGAATAACA 440L=CTGCACTTTTACTGAGGG

GM651

651U= AAGAAAGTTGATGTTCTGTATATCTGC 651L= TGAGGAGAAAGAGCCATTCAA

GM668

668U= GCCTTTTCAGTCTTTGTATA 668L= GAACGCTGCTTGGCACTT

GM182

TTTACAAATGCAACACATATCTGGATGTTGGTATGTGGCTCTTTCTCTCTGC CTAAATGGGTGGCTAGCCATATGTCACAGCAGTTGTGCACATTAGTGCA CTGGGTGATATACTTTAATGAACCTGCTTCTGAGAAGGAAAGGGAAGGAGG CGTGTTTNCTAAATTTTTTGGGCTGCANGAATTCGATNTCAAAGCTTATCGAT ACCGTNGACCTCGAGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGTTCCCTTTTAGT GAGGGTTAATTGCCCGCTTTGGCGTAATCATGGTCATAGATGTTNCTGGGG TGAAAATGGTATTCCGCTCACAAN

182U=GACTTAGCCTCTGCCAATAGC 182L= AGCCACATACCAACATCCAG

GM562

562U= GTGGTTTGTCTTTGTGTTTTGA 562L= CAGCACCAAACAAGCACACT

GM402

402U= ACTGTGTTTTTCATGCTTTG 402L= GGTGTAAATGTAGGTGTGAGG

GM584

CCCTCAGTTCCTGTGACATGACGTGCAGCAGTTTGTTCTGGTTCTGGTGG CGTAACGTTTGTTTCTGGGGCTGCTNTAATGTTTCTGTTTGACATCGTAAAT CTTTGGGGTCGTCTTATTGGTCCCATCATGGTCACATGGTCTCAGATGTTTC TGTATAATCCCGCTCCCACCTGCACACCCTCTGTAGTGCAACCGCATATTTT TATTTGACTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGAGAACTGCAGCGTCCT GACTATAAAATGATTTAGAAGGAAAATAATTTTTCTTTGTTGGAACCAGTTTT TGACCACCAGGTGGAGCTGTGGTTGCTGTGCAGGGAGGCAAGCACCTGCA GCCAATCATAGCCGGTTGTGGNTGTTTGAGCTGAANGGAACTCGTGGATGT TTNCACCTTCATGTTTTAAGGNTTTTGGG

584U= GTATAATCCCGCTCCCACCT

584L= ATAGTCAGGACGCTGCAGTT

GM101

101U= ACCTGTAACTGTAACCCTGAC 101L= AAGTCCTGCTCTCCTC

GM4

4U= CATTCTTGGTCTTCCTGA 4L= AAACTACTAGGACTTGATGGG

GM321

AGCTTTTCCGGAGCTTGTCAATCAAAAAGTCACCAAAAGTCACCTGCATG AATATATTGCCTATCGTCATTTATTGGGACTGATGAATGTCNGTTTGGAA AAAATTTTTAGTTTTTCACCCCAACCTTTNCTACCGCACCCAAAGTTNTG GTATTTAGTAATTNTAAAAACCTCTTTACCNAGGANN

321U= TGGCAAACACACACTAAGGT 321L= GTCATTTGTCGCACTCTGAAG

GM514

514U= AAAGGCAGAAGCCAATCAGA 514L= TTTGCTTCCCCAATGAAATC

GM108

108U= TATCAGCAGGTGGGCTTTTG 108L= GGTGGCTTGATTTGGAGTTG

GM583

583U= AAAGGCAGAAGCCAATCAGA 583L= AAAGGCAGAAGCCAATCAGA

GM427

TTNACTTNNTGATTCCCTTTGAAAGNGGCCCGCGGCCGTTTTAGAACTAGTG GNTCCCCCCAGGTGCAGGCAGACANCAGATACACTCATGGAAGATaAACG GACCCAACACACACACAGCAGCACGGCACAGGCAAGGATAAATGGA CCCANTANCAGGGAGGTCTGACAGAATGCCTTTTNACACCTGGCTGAGCCC AGCGGAAGGTGACAGAGTcACATcTCCCAAAGCGAACACACACACACACAC ACACACACACACACACACACACACACACACCTTcTcACATTGGGGAGT TCAGGGTCATAAGCAGCATCATGAATAAAATGAGGCTGTCTTAAACAGAAGG AGCTCTGTGTATGCATGTGTGTGGGTGNGTTTGTATGNGNGAGACTGNGTT TGTGTTTGTNCAAGGGGCTGCNGGAATTCGATATNAAGCTTATNGATACCGT CGACCTTNANGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGGTTCCCTTTATGAGGGT TAATTGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATNGCTGTTTNCTTGTGTGAAAAT GATATTCGNTCACAATTTCACNCAACATACCNANCCCGGAAGCATAAAGTGT ANAAGNCTGNGGTGCCTAANGAAGNGAGCTTACTTACNATTAATTTGGTNTG CGCTTACTTGCCCNGNTTTCAAGTTGGGGAAACCTGTCNATGCCAGCTGCT TTAAANAATCGGTCAANNCCCGGGGGAANAAGCCGGTTTGCTAATTGGNC CNCTTTTCCCTTACTTGNTTANTTGACTTTNTGGGTTGGNATGNN

427U= CCAGCGGAAGGTGACAGAG 427L= CCTGAACTCCCCAATGTGAGA

GM240

TNTTGNACTONNNAAGCCCCTTCCNAGCCCCCCCCGAGGTCGACGGTATC GATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCAGTATAAATGGGAGGATTTC TTGTTGTTATAGTGTAATAAGGGTGACGATCAACAGGTGGAGATAATGGAGC CACACACACACACACACACACACACACACACAGGTCTCTGTGCAAC CTCAACACATCAATAAATTACATCAGATGCATAGATTACCATTACAAATCCTT TCCACAGTATCAGACACTGTACGTCTTCCTCCTGTGGATTAATGTCTCGTTT CATCAGCATCCAAAAAATGCTCTTTGAGCTTTGGATTGTTGAAAGTAAGAA AGTGAAGAGGAAAGTAGTAGTTGCAGTTGAAACATAGAGAGGTTTGGGCTT TTTTGCGTGGGGGGGTTAGACTGAAGAAGATGCAGGTGGGCTGCCGGC GTATGTGTAAAAACCTACTTGTGAACTTGGTTGTGGGGGGGATCCACTAGTTC TAGAGCGGNCGCCACCGGCGGTGGAGCTCCAATTCGCCCTATAGTGAGTC GTATTACGCGCGCTCACTGGCCGTCGTTTACAACGGTNGTGACTGGGGAAA ACCCTTGGCGGTTACCCCAACTTAATCGGCTTGGCAGCACAATNCCCCTTT TCCAAACAGGTTGGGCAAGCC

240U= GGGAGGATTTCTTGTTGTTAT 240L= GGAGGAAGACGTACAGTGTC

GM539

539U= GGTTTGCTGGCACACAATAA 539L= CTGGCTCTTGTGATCCCCTA

GM28

28U= GACAGACAGGAAATAAGGGAG 28L= AGCCTGATGGATGGTGA

GM251

CGGGGTTAAAATTTTTTTGGTNAAAAATCNAGNNTTNATTTTTTTTAAACC CAATTAGGGCCCNNAAAATCGGGCAAAAAATTCCCCNTTTTTTAAAATTCAA AANGGAATTTGNANCCCGAGNATTNGGGGGGNNG

251U= GGCATTCACAGCATCTC
251L= ATGTGCTGCTGAGTAGTCTT

GM677

677U= AAGCCTTCAAAATGCTGACA 677L= GCAATCATGTTGATGCTGCT

GM673

673U= CGAACCTCACTTGTGCGTTA 673L= CGATCACCACCACCGATAAT

GM390

390U= TCTGTAGCAGCGGCATTCAC
390L= ACAGAGCCCTGTGGGAAAAGT

GM38

38U= GCATACCGAACCGAAAG
38L= TGTAGAAATGATGAGCCAAAA

GM472

GTTTNNNNNTNTGTNAATCTTTTGNCCGTGGCCNCGGCCCGCTCTAGAACT CAAGGGTGGGAAGTTGAGTGCTGAATTATGGGTAATGAGTTTGGTCCAAAA TGGATGCACAGTGTGGTGTAACATCTAAATCTCCACGCAGTCCCTGGCTCT CTCTCTCTCATTTAGCTGTGGTGTAGAACACAGCTTTGAATTTCATTTCAGG CTGTGGAATTATTTACAGACAACACACTTCCTCATAGTTGTGATTGACATTAA AGAAAATCAATCAGTGTAATGACGGGGAGTTTTAATCTACTGAGGGCAGCG ACACACACACAGTCAGTAAATGGTTATTTTAATACCTGTTGATCTGTAATT TTGAACCTGCTCCGGAGCAGATTTGTGGAGCAATTACACCGTCCATGGGGC TGCAGGAATTCGATATCAAGCTTATCGATACCGTCGACCTCGAGGGGGGGC CCGGTACCCAGCTTTTGGTCCCTTTAGTGANGGTTAATTGCGCGCTTGGCG TAATCATGGTCATAGCTGGTTCCTGGGTGAAATTGGTATNCGTCACAATTNC CCACAACATCGAAGCCGGAAGCATAAAGTGTAAAGCCTGGGGTGCCTAATG AGGTGAGCTAACTTACATTAATTGCGTTGCGCTACTGGCCCGTTTTCCAATC GGNAACCTGTCGNGCCACTTN

472U= CTAAATCTCCACGCAGTCC 472L= TGTAATTGCTCCACAAATCTG

INSULIN

561U= AGAGTTTTCCTCCAGCAGCA 561L= GGAGATTCAGGCGAGGTTTC

GM280

280U= AAACCGCAACCTCTTCTTC 280L= GTTAATAGGGGGTGGGTGAA

GM80

80U= TGAATAATAAACCAGCGTGTA 80L= TAGAAGCCCAGTGAGCA

GM524

524U= CCACCCCAGTGTTACACAGAT 524L= CCATTAGGTGAATGGCATGA

GM684

684U= ACTTATGGCGCGTGTGAGAT 684L= TGGGTGACCAAACTGACAAA

GM269

CTGGGAAAACCCTGGGCGTTACCCAACTTAANCGCCTTGCAGCANATCCCCCTTTTCGCCAGNTNGGCGNNAATAGCGAAAAAGGCCCCGCACCGATCGGCCTTCCCAAACAGTTGCGCANCCTTGAAN

269U= TGCGCTCCAGTTGGTTC
269L= TAACGCCATGTCCCTATTGAT

GM543

543U= CGTCTGCCATCGATCCTAAT 543L= CAAGGCTGGTCTCTCTGtCC

GM46

TTGAATCCCTTGCATCCCNCGGNGGCGGCCGCTCTAGAACTAGTGGATCCCC
CCCCCTTGAGGAAAATTATTTGCCCACAACTGCTCTAATGGATTCAGACGTCA
TCCTCAGCTTTCATCTGTTACGTTGACTTTTGTCGTGTGGCATTTTCTATATAT
ATTTCCACTTCATAAAATTCTGCGTTACTACCCCTGTCCACCAGGCTGTGCTG
TTTCACTTTGTCGTCACAACAACAACAACCAGCTGCTGATTGCTGTGCTCAACAGT
CATGCGCACCTTAATGGATGTATCGAACAAGCGTTTAATACCCAACTGTTTGT
GTGTGTGTGTGTGTGTGTCAGGGGGATGTGTAAGCAGCTCCGTTTCAGAGT
GAAAGGAAAATGGATGGAAATGATATACTCTGTTCTTAATTCTGTCTTTTTAA
TGATAAAGCTGGTTTCTTTGATTTTAGCCAACTGGTTCAGAATGGTCAGTACC
GACTTGAGACTGAGGTGGGCCCGGTACCCAGCTTTTTGNTCCCTTTTTGTGAGGG
TTAATTGCCCCCTTGGCGTAATCATGGCCATAGCTGNTTCCC

46U= GCGTTACTACCCCTGTCC 46L= TTGGCTAAAATCAAAGAAACC

543U= CGTCTGCCATCGATCCTAAT 543L= CAAGGCTGGTCTCTCTGtCC

GM527

527U= ATCTGGGAGGCAGGAAATA 527L= CTCTGAGGTCCGTGAAAACC

GM454

ATGGGGCNCCNAAAANTTTTTGGCAGCTTTTATTAACATTTCGCTTGCTT AANGGGCCNCG

454U= CAAGTAAAGAGGTGGAAAGG 454L= AGCAAGCGAAATGTAATAAA

GM547

GM135

135U= GGTCCAGACACGGTCGTC 135L= ATGGAAGGTCGCCCTAATAAG

GM563

563U= GGTGGCTATTAACAAGGCAATC 563L= GGTCACAGAATGGTGACGTG

GM274

NTTCTTCCTNANNGAGCTNCTTNGAAANTTCCCCTCGAGGTTTNGGGTATCG ATCCGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCAAAAATAGGATTTAGAATagCAAA

274U= GTAAAATACACTGTGGCTTCT 274L= AGCACCTGTAAAATAGCAA

GM117

117U= GTCCCTCACATGAAAGCAGAA 117L= CCTCCCTCCGCTTACCAC

GM632

632U= GCAGCTACTCATGTGAGACC 632L= TGGGAACCTCTGGTCTATGC

GM294

TNNNTTTTTGACTANGTNATTGCNCTTTGAANGCGGCCNCGGCCGCTCTA GAACTAGTGGATCCCCCATCGCGTCAGCAGGACAGGCAGCCATTTCTGGA GCTCGTCCTATCTTTAGAACAGAAACTGTGCTGATAACAGAGCTTCCACAGC CACACACTAGTGTTACATGTGTAGGCTGTTTTTTCCCCACATGCAAATAGCG GGCTGGTTTCGGGAGGCGATTCACTTTCAACATCATTTAGCTGCCTGACTG ACCAGTGAGGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCTTATCGATACCGTCGA CCTCGAGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGTTCCCTTTAGTGAGGGTTAA TTGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTTCCTGTGTGAAATTGTTA TCCGCTCACAATTCCACACAACATACGAGCCGGAAGCATAAAGTGTAAAGC CTGGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACTCACATTAATTGCGTTGCGCTCACT GCCCGCTTTCAGTCGGGAAACCTGTCGTGCCAGCTGCATTAATGAATCGGC CAACGCGCGGGGAGAGGCGGTTTGCGTATTGGGCGCTNTTTCGCTTNCTN GNTTAATTGACTCGCTGNGCTCGGCCGTTCGGCTGCGGCNAGCGGTNTAG CTTACTCAAAGGCGGGAAACNGTTNTTCACAGAATCAGGGGATACCCCAGG AAAGACNTTTTGAGCCAAAGGCC

294U= GCTCGTCCTATCTTTAGAACA 294L= AAACCAGCCCGCTATT

LG 13

GM486

GM628

628U= ACACGATCTCGCTTTTCTGC 628L= CCGCCGTAAGGTAACTCGT

GM627

AGTGTGTATCCTCGCCGATCGGTGACTTGATAACAGACACAAAGGGATCAA TAAATGATGAGAGAGCAGAAAGAACAGCTGTAATTTCTAAGGGGGGGATCCT CTAGAGTCGACCTGCAGGCATGCAAGCTTGGCACTGGCCCGTCGTTTTAC

627U= CCGTTGGTCAGAATGGAGAT 627L= CCGATTGGCATATGTAACGA

GM122

122U= AGCCCCGCCCACAATAG 122L= AAAGGTCACAAAGGCAGCAAA

GM552

552U= CACAGCCAGGAGACAAATAGAA 552L= TGACTGTCCTGTTTTGCACTG

GM501

501U= CAACAGGATTATGGAACAGG 501L= GTATGCGGATTGCATGTTTG

602U= TGTCTGTGACATCCATTTTGC 602L= GGACAGCAGTCCATGTCAGA

GM596

596U= TTCTGACATGGATTGGAGCA 596L= AGCCTGCAGTCTAAGGCACT

GM125

125U= ACTCCACCCTCACCTACTAA 125L= AGGGACTTTATGTTTCTCCTT

GM520

GCTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCTAATGCTG GTTGGAGCCAACGGCGGGGCACTGCACCTTTCANGAAATAACGCATGGAG AAAGGGGAGAAAAAAAGGGAAAAAAACATACTTATTAGTTCTCTTTTCCAC CAAGTGCTTATTTAAAAGTCTAAAATGAATTTAGAGAGAAAAACATTAGATTGC CTTATAATTTCTGCTTTAATTAGAATGCTTTTGCT

520U= CGTGACTCATTAGGCATTCG 520L= TTTTCCTCCCCTTTCTCCAT

GM363

363U= CCAGTCCCAGTCATCCT
363L= AGAAAACCTGTTGCCATTATC

GM1

1U= ATTTTAGTGTGCTTTTGGGT 1L= AAAAACAGTGCAGCAGTCA

LG 14

GM163

163U= TATAGAGGGGTGAGGGGAGAT 163L= AGAATACAAGCGCCACACAT

GM384

384U= AAAGGCTGGCACTGGA 384L= CTAAACTCGCCTATGATGGAA

GM659

659U= AGCTGTGTTTCCCTTGTGAGA 659L= ACCTGGAAACTCACCTGCAA

GM378

TGGTANNNCCCTCTNGAATGCTCTTTGGANGCGGCCNCGGCCGNTCTAGAAC TAGTGGATCCCCCCAGGACGACGAGGTGCTGGCGAAGTCCTGCCTTAgAC CTGGGGGAGCGAGATATGAGGACCAGCGTGC&AAACACCCACACACACACA CACACACACACACACACACACACACACAGACAGTCATCACCTCCTGGG GTTAATGAAGCTGAAGTAGCGATGGGCTCTGAGATCTGGTGCCATATGTTAA GTCAGTTGGCTCAAATGACAGAGATAACCATAAAAAAAAGTGACTAAACAG AAAGATTCAGATTTATAGTGCATTCTAAGCACTCTGGCAGGAGGAGCAAACA ACTAACCAACAGTCTACAACTCAAATCAAAAAATCATGAAGTGCAGTCAGGGT GCAGATGGAGGTCCTGCTACTTACTCTCCTCCTGCAGCCGGGGGGCTGCAGG AATTCGATATCAAGCTTATCGGTTCCGNCGACCTTGAAGGGGGGCCCGGTCC CANNTTTGGTCCTTTAGGGAGGGTTAAATGCNCCTTGGNGTAANCATGGCAT AGCTGTTTCCGNGNGAAAATGTTTTCCNGCTCATTTCCCCCAAAATNNTANCC GGAGCTTTTNTAAAGNCGGGGGGCCTAAAGGNGGGNGCTTACCCCCANTTA ATTGGNGGTGNGCCNNTGNCCCNTTTNACCT

378U= GGGGAGCGAGATATGAGGA 378L= CTGCCAGAGTGCTTAGAATGC

GM576

576U= CCCTGGAGAACAGAGTGGTC 576L= CTTGGACTTGGCTCTGACCT

460U= TCTCTGCCTGTGTCTGTTGT 460L= GAGCAAACGCTTTTCTGAATA

GM631

631U= TCCACCTGTGGAATGATGAG 631L= CATGTTTGGGATCAGCATCA

GM212

212U= CATCCTTCATCATCCTCCCTC 212L= CCTTCAGCTCACTGGGTCTC

GM597

597U= ACTTGGGTTTGAGCTTGGAG 597L= CTCTGTAATCCCGCACCATT

GM338

TTGCTTGTNAANCCCTTTGGAAGCCCCCCTCGAGGTCGACGGTATCGATAA GCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCTGCTGTGCCCACGTGGAGCCTCAA CGCTCATTTCACAACACGGACTCAGcGGGGATGCAAATGTGACGTCGTGCA CCCAGCTCGGTTGGCAGCTCAGCTCCGGGGGGGATCCACTAGTTCTAGAG CGGCCGCCACCGCGTGGAGCTCCAATTCGCCCTATAGTGAGTCGTATTAC GCGCGCTCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGC GTTACCCAACTTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCGT AATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGGCCTTNCAACAGTTTGCGCAGNCT GAATGGCGAATGGAAATTGTAAGCGTTAATATTTTGGTAAAATTCGGCGTTA AATTTTTGGTNAAATCAGCTCATTTTTTAAACCAATAGGCCGAAAATTGGGNA AAATCCCTTTTTNAATTCAAAGNAATTGACCGAGATAGGGTTGNANTNGTTG TTCCAAGTTTTGGAACAAAGAGNTCCCTNTTTAAGGAACGGNGGCN

338U= TCGTGCAGCCAAACTTTCATC
338L= CGACGCAGCCGAGCAG

GM283

GCTNACTGGCCGTNNGTTTACAACCGTNGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTT ACCCAACTTAATCGCCTTGCAGCACATNCCCCCTTTTCGCCAGCTTGGCNTA AATAANCCGAAAGAGGCCNGCAACCNGATCGGCCCNTTNCCAAACAGTTGC GCANCCTGAATGGCGAATNGGAAATTGNTAGGNGTT

283U= ATTGTGACAAGGAGCCAGAAC 283L= AAGTCGCAGGTGACAGAGTG

GM47

47U= GTCGCAGGTAGACTGAAGG 47L= TCTTGGGGACAGAAGTGTATT

LG 15

GM197

197U= CTCGTGCAATGAAGAGTAATG 197L= GCGTTCTGTGTAATCAATGG

GM538

538U= CAGCATGTTGTCTGGATCTTG 538L= TTTGTTGCTGTGGTCTGTTCTT

GM531

531U= AAAGCCAACGGTCTGAATTG 531L= AGCAGAGGACACCCCTCAT

GM211

211U= GCAAGTTGAGAGGCTACTGT 211L= AAACAACCCACAACCTTAGTT

412U= TGCTGCTGAGCCAAGA 412L= GTCTCCGTTTTGAACATTTCT

GM348

348U= CCACCATGCCATCCACA
348L= TGTCGGTAGGAGCCAAATACA

GM20

ATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGAAATTGTAAG CGTTAATATTTTGTTAAAATTCGCGTTAAATTTTTGGTAAATCAC

20U= TAAAGCCACATTTATCTGCTC 20L= CTACACCGCTGGGACA

GM567

567U= AAATGCTCTAACTGATCTGTACACAAG 567L= GGACGCTCTACAGCACAGGT

GM437

437U= AGCCCCTTAATGAGATCAAAG 437L= CCTCTCTGTAAGCCTGGATG

GM234

234U= ATCGCTGTGTATTTCTATCAC 234L= ATGCCACCCTATTCTGT

GM599

599U= CATGCAGTAAATGGCTGGAA 599L= CCAGCATAATTGACAGCTGATT

GM502

502U=

502L=

GM515

515U= CGAGTGCCTGTGGAGATGTA 515L= CTGTCATGAAGAGAGGTCATGC

GM358

358U= ACCTGTTCTGTTTCCACC 358L= AAATACCTAAAAGTCGCTGAT

GM517

517U= GCACTGACATGTGCAAGGAT 517L= CAACAGAGGGTCTCCTACTGC

GM193

193U= ACCTAGCAACATTGTATCCCT 193L= TCGCCTGTGTTTTATCTGTAG

GM676

676U= GATTCACGGCGATGAAGTCT 676L= CGTGAGCATCACCATCACTC

GM94

94U= TTGGGAAAGATGTTTTGAT 94L= GAAATATGCGTTTGAGTATGA

LG 16

GM207

TCCAATAGTTGGGTTGCAGTCACGTGGTTCTGATGACGTGCGGAGGCAGCG CGATTTTTGAGTGGAGGGCGGAAGTAAACATGGAGGACACTGTGGAGAGTC AGGAGAGCAGCTATTGTGCAACTTTAGACCCCGTTTCTCGGGAGAGATATA AACAGATAGTTAAAAAATATATCGGACGTGATCCGTATTCTTTGAAAATGTCC GAATACACCACAGCAGTAAAGGATTTGCCTACTATCGAGGCTGTGGATGGG GGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCGCGGTGGAGCTCCAATTCGC CCTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACTGGCCCGTCGTTTTACAACGT CGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACTTAATCGCCTTGC

207U= CAATGAGATCATCCCATAAAA 207L= GTGACTGCAACCCAACTATT

GM134

134U= ATAAGGTCGGGTCACCAT 134L= AGGGCAACAGACTATCTCT

GM221

TTGTNNNNCCTCGTNAATGCNCTTTTGAANGCGGCCNCGGCCGNTNTAGAAC TAGTGGAtCCCCCCAATTGATGAAGAGGTAACACCAGAGTAGAGGCTATTaC AGAAGTCGAGGCGAGATGAGATGAAGCCATGGGTCGCTGTGATATATGCCAC CACACACACCGTTATTGCTCACGATCACGTTTTTTATTATAATAACAATG CACCGTGACAGCTCGTCCCGGTCCAGCCAGCCTCCCACTCGACTCTGCCGTCA CTATATAGACACAGAAGGAAGACACTCATGACACAATCGCCACCACCTGT GGCTCACCTGCCTCCGGTGGGCTGCAGGAATTCGATATCAAGCTTATCGATA CCGTCGACCTCGAGGGGGGCCCGGTACCCAGCTTTTGTTCCCTTTAGTGAGG GTTAATTGCGCGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGGTTNCTGTGTGAAATT GTTATCCGCTCACAATTTCACACAACATACGAGCCGGAAGCATAAAGTGTAA AGNCTGGGGTGGCCTAATGAGTGAGCTTACTACATTAATTGGCGTTGCGCTC ACTGGCCGCTTTTCANGTCGGGGAAACTTNNTCGTNNCNANGTTGCANTTATT GAATTCGGCCAACNCCCCGGGANAGGCCGGTTTCCGTTTTGGGCGCTTTTTCC GCTTCTTGGTTAATTGACTTGCTTGCGCTTGGNNCCTTNCGGTTGGGGCGANC NGGTATNAAGCTTANTTNAANGGCGGNAATACCGGGTTNTCACANAAT

221U= TACAGAAGTCGAGGCGAGATG 221L= GTGGTGGCGATTGTCAT

GM183

183U= AGTTATTGCGGCTTCCTGTG 183L= AAACAAAACATGGGGGAGAAA

GM138

138U= CTGTGTGGGCTATTATGAAAC 138L= GGCAGTCTCCAAGCAA

GM528

528U= TTTTTCTCCTGCCTTTGTGG 528L= CGCTGAGGTAAAGCCTGTATG

GM497

497U=

497L=

GM609

609U= TCCCAGAGTGCCTTTGTTCT 609L= GCACGGTCCTTACTGGTTGT

GM71

71U= ATGCCCCTGCAGTCTCT
71L= ATAAAGCAAAGCCTCTCCTGT

GM304

TGCAGGGCTGGAGGTAGCAGGAGTCCACTGTTACTGCACAACGCTCGCGC ACAGACACACACACACACACCTCTCATCCCTCTGGAGAAAATGAATT CTCTTTCTCTTTTTCCTCTTTTCCCCCCCCTTTACCTTTTTGCCTCTGTCA

304U= AGCGCAACTACCATAACTTCA 304L= GCAGGTGACCAGGTGAGT

LG 17

GM470

470U= GGGTGTCTTCCTGGTGTCA 470L= ATCCCCCACTCTCTTGTCATT

GM403

403U= GGGTGTCTTCCTGGTGTCA

403L= ATCCCCCACTCTCTTGTCATT

GM569

PROLACTIN

GM159

159U= CAAGACCTGGAAACATTTTGG 159L= CAACAACCCTTAGAAACCCT

GM351

351U= CTCTGATGTAGTGCCCTTCTG
351L= GTCACCGCTCCTCTCT

506U= CCTGTTCTGGTGCAGCTCTA 506L= AGCTGTGCAGAGGAAGGAAG

GM34

34U= AATGGTTTTCTAGAGTGGGTG 34L= CCTCGGCTTCATGATTTAC

GM532

532U= CACAGATGCATAGTCCTCACG 532L= TCCCAAGAAGAAGGCGAGTA

GM206

206U= GGAGTGAACCAGTCTCAGACA 206L= TCCCTCTTTGCACTCATCA

GM553

553U= GCTGGATTTGCATTGAGTGA 553L= TAGACCGAGGCTGAAAGCTG

GM509

509U= CAACAGCAAAGCCAGGAGAG 509L= AGCCCTGCACAGTTTAGCAA

GM414

414U=GCTGGACTGCTGAGAGGAA 414L=CTGCTGTTTGAACCCACATCT

GM545

LG 18

GM530

AGGCTTGAATGGTCTTAAAGGGGGCAGTATATAACCTGTGTCTTTAT CATTATATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTTCCTGGAGAGCAAAGGC TGTGAATGAACTCCTAAATCACACTATTGATCAGCCCTTCCTCCCAGACACA CGCTGGGATCGAGGCAGTTAAAT

530U= ATGGTCTTAAAGGGGGCAGT 530L= GGAGGAAGGGCTGATCAATA

GM397

397U= ACACCTTCCCCATCAA
397L= TGAGATCATCCCATAAAAAGG

83U= CCACAACACCATCTCCTC 83L= CCATTATCACTACCCCTCTTT

GM482

GM39

39U= TACAAGATCCCGCTAAAGGAG 39L= GGCACTCAAGCAGCAGATT

GM571

TRANSFERRIN

GM622

GM666

666U= ATGGTGCGCTAGGAATAGCA 666L= TGAATGAGGCTTTCATCTCCA

GM285

285U= TGCACTTTGGGGGATG
285L= TAATAGCTCTGCCGTTTGTTC

GM648

648U= CACTGACACAAAGTTACATCTCTGA 648L= AGACCGTGGGTTTCTGAGG

GM519

CCCNNCACAGGGTTCACCAAGCCCACCTGAGGCACGCCAGGTCTCACTGG GGTCACACCTGAAACAGGAAGCAGGAAGTGATACCTGTTGGAGCACCTTTG

519U= CCTGTTGGAGCACCTTTGAT 519L= TAGGAACACCTGAGCCCTGT

GM 564

564U= GATGGTGTTTGGCTTGTCAG 564L= ATTCCTGGAGTCATGCTGCT

GM202

TNTTTGACTCCTTGGAACTCCCCGCGGTGGCGGCCGCTCTAGAACTAGTG
GATCCCCCACTTGAGTCAATTCCCTGTGAATTAACATAAATGTGGTGATT
CGCCAACATAAGCAGCTGTGTTATGACTGATGTGAATACAGTGGAAGGGT
CTGGAAAAGCAGATGCACAGCTATGAGCTGCTGCATTGCTAGTCAGG
AGCTGTCAGGAAAAGACTAGAAGCAGGTCCCAGATGGGAACGCATGTGAA
CACAAAGTAGAGCTTTGCATGCTCAGCAAACCTTCTTAAGATAAATACAA
TTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTTTTGAGTGCTGGAGGGTCTTTCAC
AGTTCCTTGGAATAAGCCTGTTCTTGCGTTGTGAGGGTGCAGCTAAACAT
AAATCATGCATTAGGCTTTCTTAGAGGAGAACTTGGTTTCGAACATATCA
GCTTGAATTTCGGACCCGCGTGGGCTGCAGGGAATTCGATATCAAGCTTA
TCGATACCCGTCGACCTCGAGGGGGGCCCCGGGTCCCAGCTTTT

202U= GGTGATTCGCCAACATAAGC 202L= AACTGTGAAAGACCCCTCCAG

LG 19

YDIX2

GM536

GCGGAGTGTATTATTGACAAAACACAAATGTCTTCATCACGTGGACTCCAAC ATCAGCGCACAGAGTCAGACGCTGTCAGCACGTCTGTCATCAGGTGTGTTG CGTCAGTGTGTTACACAGCAGACGAGAAAATGTTACCTCCTGCTTTTCTT AAAAAAAGAGCTTTTGAAGCGATGCGTCTCACAGGACCAATCACCTCAGAGC GGTCAAACCCACCTTGGGTCGGGCTGAAAGGACTCTTGCCTTCCATAAACT TNCATGTTGAAGCTTATTGGTTACATTTTTGGNACCGTCACACAACTAAACA CAAGATGGGGG

536U= TTAACCGCTGAGCTGTGTGT 536L= GACGCAACACACCTGATGAC

MYOSTATIN

GM581

581U= ACCTATGTGGGCTGAATGCT 581L= CAAAAGCAGCCACAAGTCAA

GM368

368U= ACAGGGGGAACAATCAA.TAAC 368L= GACAGCGGACAATAGGAAAG

63U= GCCGCAGGGAGAAACA 63L= CAGGTCAAAAGGTGGTTCAGA

GM250

TNTTGACCTANTNAATGCNCTTTTCAACGCGGCCGCGGCTCGCTCTAGAACTA AGTGGATCCCCCCGTGTGAAGCTCTCCGCTGCTTGCAGTGCAAACAGGCTT ACAGGACTCTAGGCTGTGCTCTTCAGTGTGCTCCATGCTTTGTGCAGAA TGTGTGTGGGGGGGGGTNCAGACCTCGGGTTCTTCATCATCCTGCAATGC CGGCAGCACCGGCGCTTCAGTCTGACATCATCTAAACACAAACATGCT GCTGCTGTCTTATCTTGCTGTGCTCTTGGCTAACATTCATCACTGTGCCTGTNT NTGACTAACTGCATGGAGCCCTCTCTGATNAATGANAACTAANTTGCTTTGG ATGTTCANAAGNTANTTAATCANANGTTTAANCCTNTGTAAGTCTNNTTTNGG NATGTCAACACTTTGGGGCTNCANGAAATNCATATAAGCTTATCNATACCGN CAACTNCAAGGGGGGCCCCGTNNCCCAACNTTNTGTTCCTTNANTGNAGGG TTAAANNCNCCCCTTGGNNCNNAAACAATGGNCANAANCNTTNNTTCCCGNN NCAAAAANNNTTATCCCNCTNACAATTTCCNNACAACNTNNCANNNCNNAAN CCNNANAANNNAANCC

250U= AGTGCAAACAGGCTTACAGGA 250L= AGCATTGCAGGATGATGAAG

GM534

534U= CACTTGTTAGCCCTCTACATGC

534L=TCTGCATGGAGCAGATGTTT

GM278

278U= TTAGAGATGGCTGAGGAACA 278L= ATTCTGCTGGAAACAAATACC

GM255

TANTTTGATNCGNGAANCTTNTTGAAAGCNCCCCTCGAGGTCGACGGTATC GATCAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCATGACCTCACCTGAAACCCT CAGGCTTTGGTTCGGTCGCCATGGAGtncaaCACCTcCATCCATACCCGTCTC ACCACTGCTAACGAGTGCACTCCATTTCTGCAGATCTGTGACACCGCTGGT CTGGAACATCTGTCTACAAGAGTGGGTGAGTATTCAGAGAGCATATTCCATC CCTGATGGTAGGACAGTTTGAGCCATACTCAGTGCTGTACACTGAGT CAGCATGAGCTGTAAGATAGGAGCCACGCTCAAGACCTAAATGAGGTCCTG CAGAGGAATCACCACCAGGCTGAAGGAGACCGNCATCCTTCACCACATCAT CACTCTGCACCTGTGGTGACCTGATGATGAGGTGTGAGCATCCTCCCCTGT AGAAGACAGCAGTCGGGGGGGATCCACTAGTTCTAGAAGCGGGCGCCACC GNGGTGGAGCTCCAATTCCGCCTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCTCACT GGCCGTCGTTTTACAACGTNGGNGACTGGGGAAAAACCCTNGCGTTACCCA ACTTAATCGGCTTTGCAGTACAATCCCCTTTTCGCCAGCTTGGCGTTAATAG NCGAANNAGGCCCGNAACCGAATCGGCCCTTTCCAAACAGTTGCGCAANC CTGAATTGGCNAAATGGAAATTGTAAACCNTTAANATTT

255U= GCTGGTCTGGAACATCTGTCT 255L= CTTCAGCCTGGTGGTGATT

168U= TCAGAGGGGAAAGTGGAAAA 168L= CAACACGCGTAGCAGTAATGA

GM671

671U= CGAGGAGCGAGCAGAGTAAT 671L= CTCCGTGTGTGAGTGCAAGT

GM56

56U= GACACAATGCCTAAAAATCTG 56L= CCTCACCGTCCCTCTC

LG 20

GM610

610U= GATGTCACTGACGCCCATC 610L= CCATAGCAACTTTACCCGTTG

GM333

333U= AAAATAAGCAAAGTGCCATAC 333L= CTGCGTGAATTAGCAAAATA

GM224

CACACAGACCCTACTTCACAGATCAGTGTGTGTGTTACCTTGCAGCAAGT GAGGTTNCAGGGTGCGATGCTTTCAGGTATGTTT

224U= CAGCTATGACAGATGGCTCT 224L= TGAAGTAGGGTCTGTGTAAC

GM263

263U= GTCCATCCGTGCCAAGG 263L= TTGCTTTTGTTCTGCTGGGTT

GM399

399U= CGCCCTGAGAGCAACA 399L= AGTGTGCCGTTCCAAAAATAC

GM493

57U=TAGCTTTATTCGCACAACAAC 57L=GAGGGGGAGAAGAACACA

GM401

401U= ACGGCTCTACCCCCTATC 401L= CGCCTAATTTCCTATGGATTT

GM662

662U= TGCAGCTGACCTTCACTCTT 662L= TGAGCAGACAGCATGAAAGC

589U= CCCAGATAAAGCATGTCAGC 589L= CCCTCGTAATTAATCTTTGTTGTTG

GM215

215U= GGATAATGATGGCAGTGGT 215L= TATTTTTCTTCCCAATGGTTC

GM131.

131U= GCCATTGATTTGTTGACACT
131L= AAAATGGCATGAAAGAACTAA

GM615

615U= GTGCACAGAGGAAGGTGGAG 615L= CCCTCCTTTCCTTTTTGTGTC

GM155

155U= CCCACTCATATAAACACAGCA ·155L= CGACTGACATTTCCACACTC

LG 21

GM343

CCCCCCGGGGGGGGGNGGCCT

343U=CCCTGCTGTTTCCTCCT
343L=CCTTATCAGCTTTTCGTGTTC

GM613

613U= TAGCACAGTGTCCTGGGTGA 613L= GTGTCACTCACGCCTTCCTT

GM171

171U= GCCATCACCTCTTGCTT 171L= GAGTTAGGGCAGAGGTTATGT

GM146

146U= CCACTTACACCCCCTGTCACTTC
146L= ACACCGGACTTGATGATGAAAAGAG

GM62

62U= TTCAGTTTTTCAGCCAAATAC 62L= CTGCAGCGTTAGAGTCCT

GM184

184U= CACTTCCACCTTTACTTTGAC 184L= GGAGAACAGGGCTTATTG

GM510

510U= ACAGCACGGAAAACTCATCC 510L= TAGCCCCTGGTTATCTGTGG

GM153

153U= AAAGACGAGCACGCACTC 153L= GGTTTACATCAGCAAAGTGGA

GM277

TGCAGAAAGCACTCCCTCAGTGCTTCCTGTTTTAGTAGATTAGGTTTCAG
AAATCACAAACTGTATGCAAGCAGTGGANGTGGGCTGCANGAATTCGATA
TCAAGCTTATTGANACCCGTCGAACTNGAGGGGGGGCCCGGTACCCAGCT
TTNGGTCCCTTTAGTGANGGGTAANTTGCCCCTTGGCGTAATCATGGNCA
TNGCTNTTCCCTGGGTGAAAATGGTATCCCGTNACAATTCCCACAACTTT
CGAGCCGGAGCTTAA

277U= TGTTGTGAGAGACGAGGAGA 277L= GTTGAAGCCTTTGTAAAATGC

GM102 -

102U=CATTTATCCTGACGGCACTCT 102L=TTTCCGATCTCTGCTCTCCT

GM566

566U= CAGACACGCAGAGATGTGGA 566L= TCTTCCGTTTGACTCACCAA

55U= CATGCCTGTAAACCTTTTCC 55L= ATCCAGCGTTTACAGAGTGAA

GM594

594U= GCGCAGAGCAGAGATTCAG 594L= AGCAGGAAGGAGTGTGCT

GM516

516U= CAGCTGCAGCATAAACCTGA 516L= TCAGAGATCCACAGCTTAGCA

GM109

109U= ACTTGTAAATAAACCCCAAAA 109L= CCGTAGATGCGAAATAAAC

LG 22

GM674

674U= GGTGCGAGGTGAGACAAAGT 674L= GACGCTCGCTTATCGTCTG

GM175

TATCCGCTCACAATTCCACACAACATACGAGCCGGAAGCATAAAAGTGTAAA GCCTGGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACTCACATTAATTGCGTTGCGCTCA CTGCCGCTTTCCAGTCGGGAAACCTTGNTCGGGCAGCTGCATTAATGAAT C

175U= GCAAACTGACCAAATGACC 175L= GGGGCTGTAAGTGTCTGTATG

GM687

687U= ACAGCTGTCCCTTCTCATCC 687L= TGTTCTGGACTCCCAAGACC

GM423

423U= GAGCGACTGTAGGACACGATT 423L= TGATGCTAAGAATGGCTGAGA

GM3

NTNTTNTTCCTAGTGATCTCTTGGANACCCNGCCCCNTTTCGAGGTCGACGGTATCGATAAGCTTGATATCGAATTCCTGCAGCCCCCCAGTCCAAAGCACT

3U= GGATGAAAACCAGCAGAGGA 3L= GGGACAACCACAATTCTCAGG

LG 23

GM209

209U= AAAGCACCCAGATGTTCA 209L= GCTGCTGATAATTCATTCATT

GM592

592U= TCCTCTCTGACGGCTCTGAT

592L = CTGCAGTGGTGGTTTTCTCA

GM104

104U= GAACCCAGCGATGTCCC 104L= ACTAACCCCTGCTCTGTGCTT

GM173

173U= TGAACTTCTAGTCTGCCTCTG 173L= GTGTTTTGATTCAGGGTATGA

GM145

CACACACACATTTCCCTTCAAGATGCACAATCAAACGGGCTCACAGAAAA TATACTCCACTGAACACCCTGTAAAATGTCTTTAGGCTGGAGACATGTGGGG GATCCACTAGATCTAGAGCGGCCGCCACCGCGGTGGAGCTCCAATTCGCC CTATAGTGAGTCGTATTACGCGCGCGCTCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCG TGACTGGGAAAACCCTGGGCGTTACCCAACTTAATCGCCTTGCAGCACATC CCCCTTTCGCCAGCTGGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCC TTCCAAACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGAAAATGGTAAGCGTNA TN

145U= AGCCATCCCCGTCTTTCT
145L= TATTTTCTGTGAGCCCGTTTG

LG 24

GM27

27U= TGGCTCCAGTTAATCCTCT
27L= TCTCATTCATTTACCCTGTTG

GM540

540U= GTACTGTTACATGAAGAAAACTcTGG 540L= TCGTAGGAACAGCAAAGATGC

GM559

GTGTGTGTGTGTGTTGGTCTCCAGGACCCTGACAGACCTGCTGAAAC AGCAGGGGACTGAGGTGAGCTCGGTGGAAAATGCCAC

559U= GCACCATTTTTAACCAGTGCT 559L= ATTTTCCACCGAGCTCACCT

LG 25

GM128

128U= ATGATGAGAGAAAGGGAAAGA 128L= CATTACTGTGCCTCTGTGAAG

GM587

587U= GCCAACTGGCTAGGCTCAT 587L= TGCTGAAGTGTTATCGCTGTG

GM526

526U= TCTTCCTCAGCCCATCTGTT 526L= CAACTGTTGGCAGTGACAGG